



PCT

WELTORGANISATION FÜR GEISTIGES EIGENTUM  
Internationales Büro

INTERNATIONALE ANMELDUNG VERÖFFENTLICHT NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE  
INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS (PCT)

<p>(51) Internationale Patentklassifikation <sup>6</sup> : <b>C12N 15/12, C07K 14/47, 16/18, A61K 38/17, G01N 33/68, C12Q 1/68, C12N 15/62, A61K 48/00, C12N 5/10, 15/70, 15/79, 15/10</b></p>	<p><b>A2</b></p>	<p>(11) Internationale Veröffentlichungsnummer: <b>WO 99/54461</b></p> <p>(43) Internationales Veröffentlichungsdatum: 28. Oktober 1999 (28.10.99)</p>
<p>(21) Internationales Aktenzeichen: PCT/DE99/01174</p> <p>(22) Internationales Anmeldedatum: 15. April 1999 (15.04.99)</p> <p>(30) Prioritätsdaten: 198 17 948.0 17. April 1998 (17.04.98) DE</p> <p>(71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten ausser US): META-GEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D-14195 Berlin (DE).</p> <p>(72) Erfinder; und</p> <p>(75) Erfinder/Anmelder (nur für US): SPECHT, Thomas [DE/DE]; Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN, Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE). SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II, D-14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE]; Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-01474 Schönfeld-Weissig (DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-Procheska-Strasse 6, D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE]; Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE).</p>	<p>(81) Bestimmungsstaaten: JP, US, europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE).</p> <p>Veröffentlicht <i>Ohne internationalen Recherchenbericht und erneut zu veröffentlichen nach Erhalt des Berichts.</i></p>	
<p>(54) Title: HUMAN NUCLEIC ACID SEQUENCES OF ENDOMETRIUM TUMOUR TISSUE</p> <p>(54) Bezeichnung: MENSCHLICHE NUKLEINSÄURESEQUENZEN AUS ENDOMETRIUMTUMORGEWEBE</p> <p>(57) Abstract</p> <p>The invention relates to human nucleic acid sequences (mRNA, cDNA, genomic sequences) of endometrium tumour tissue, coding for genetic products or parts thereof, in addition to the use thereof. The invention also relates to the polypeptides obtained according to said sequences and to the use thereof.</p> <p>(57) Zusammenfassung</p> <p>Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen-mRNA, cDNA, genomische Sequenzen - aus Endometriumtumor, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, und deren Verwendung beschrieben. Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.</p>		

### LEDIGLICH ZUR INFORMATION

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

AL	Albanien	ES	Spanien	LS	Lesotho	SI	Slowenien
AM	Armenien	FI	Finnland	LT	Litauen	SK	Slowakei
AT	Österreich	FR	Frankreich	LU	Luxemburg	SN	Senegal
AU	Australien	GA	Gabun	LV	Lettland	SZ	Swasiland
AZ	Aserbaidshan	GB	Vereinigtes Königreich	MC	Monaco	TD	Tschad
BA	Bosnien-Herzegowina	GE	Georgien	MD	Republik Moldau	TG	Togo
BB	Barbados	GH	Ghana	MG	Madagaskar	TJ	Tadschikistan
BE	Belgien	GN	Guinea	MK	Die ehemalige jugoslawische Republik Mazedonien	TM	Turkmenistan
BF	Burkina Faso	GR	Griechenland	ML	Mali	TR	Türkei
BG	Bulgarien	HU	Ungarn	MN	Mongolei	UA	Trinidad und Tobago
BJ	Benin	IE	Irland	MR	Mauretanien	UG	Ukraine
BR	Brasilien	IL	Israel	MW	Malawi	US	Uganda
BY	Belarus	IS	Island	MX	Mexiko		Vereinigte Staaten von Amerika
CA	Kanada	IT	Italien	NE	Niger	UZ	Usbekistan
CF	Zentralafrikanische Republik	JP	Japan	NL	Niederlande	VN	Vietnam
CG	Kongo	KE	Kenia	NO	Norwegen	YU	Jugoslawien
CH	Schweiz	KP	Kirgisistan	NZ	Neuseeland	ZW	Zimbabwe
CI	Côte d'Ivoire		Demokratische Volksrepublik Korea	PL	Polen		
CM	Kamerun	KR	Republik Korea	PT	Portugal		
CN	China	KZ	Kasachstan	RO	Rumänien		
CU	Kuba	LC	St. Lucia	RU	Russische Föderation		
CZ	Tschechische Republik	LI	Liechtenstein	SD	Sudan		
DE	Deutschland	LK	Sri Lanka	SE	Schweden		
DK	Dänemark	LR	Liberia	SG	Singapur		
EE	Estland						



## Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Endometriumtumorgewebe

- Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Endometriumtumor, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, deren funktionale Gene, die mindestens ein biologisch aktives Polypeptid kodieren und deren Verwendung. Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.
- 10 Eine Krebstodesursachen bei Frauen ist der Endometriumtumor, für dessen Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, wie z.B. Chemotherapie, Hormontherapie oder chirurgische Entfernung des Tumorgewebes, führen häufig nicht zu einer vollständigen Heilung.
- 15 Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine
- 20 Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z.B. Unter- oder Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die
- 25 experimentelle Herangehensweise sehr.
- Für die Suche nach Kandidatengenen, d.h. Genen, die im Vergleich zum Tumorgewebe im normalen Gewebe stärker exprimiert werden, wird eine Datenbank verwendet, die aus sogenannten ESTs besteht. ESTs (Expressed Sequence Tags)
- 30 sind Sequenzen von cDNAs, d.h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von verschiedenen Betreibern z.T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel zwischen 150 und 350
- 35 Nukleotide lang. Sie representieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist (> 2000 Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -proliferation wichtig sind. Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der
- 40 cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe. Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.
- 45 Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebstyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1, Fig. 2a und Fig.3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich
- 50 größeren Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene Fehler weitgehendst vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden Softwareprodukte gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen

Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1 – 2b4 dargestellt.

- 5 Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1 bis Seq. ID No.141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555 gefunden werden, die als Kandidatengene beim Endometriumtumor eine Rolle spielen.

- 10 Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID Nos. 1-126 und Seq. ID No 531-552, 554, 555.

Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

- 15 a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq ID Nos. 1-126 und Seq. ID No 531-552, 554, 555.
- 20 b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen
- oder
- 25 c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

- 30 Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID Nos 1-126 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

- 35 Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555, die im Endometriumtumor erhöht exprimiert sind.

- 40 Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID Nos 1-126 und Seq. ID No 531-552, 554, 555 hybridisieren.

- 45 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp, insbesondere eine Länge von 450 bis 3500 bp auf.

- 50 Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID Nos. 1-126 und Seq. ID No 531-552, 554, 555 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein

bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.

- 5 In der Literatur sind ist eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs,  $\phi$ X174, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia),  
10 2. eukaryontische, wie z. B. pWLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).

Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geeignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt, lambda P<sub>R</sub>, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.

- 20 Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

- 25 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

- 30 Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den  
35 Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die exprimiert wird.

Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

- 40 Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie E. coli oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.

- 45 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.

Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren.  
50 Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen Seq. ID Nos 142-528 und Seq. ID Nos. Seq. 561-575, 577-625, 630-635.

5

Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der ORF. ID Nos. 142-528 und Seq. ID Nos. ORF 561-575, 577-625, 630-635 aufweisen.

10

Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder Fragment davon gerichtet sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID 141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555 kodiert werden.

15 Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale Antikörper zu verstehen.

Die erfindungsgemäßen Antikörper können u.a. durch ein Phage Display Verfahren identifiziert werden. Auch diese Antikörper sind Gegenstand der Erfindung.

20 Die erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen können in einem Phage Display Verfahren verwendet werden. Die mit diesem Verfahren identifizierten Polypeptide, die an die erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen binden, sind auch Gegenstand der Erfindung.

25 Ebenso können die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen in einem Phage Display Verfahren verwendet werden.

Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen Seq. ID Nos. 142-528 und Seq. ID Nos. Seq. 561-575, 577-625, 630-635 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Endometriumtumor verwendet werden, was ebenfalls  
30 Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Endometriumtumor verwendet werden können.  
35

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 142-528 und Seq. ID Nos. Seq. 561-575, 577-625, 630-635 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung gegen den Uterustumor, bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen den Uterustumor.  
40

Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 142-528 und Seq. ID Nos. Seq. 561-575, 577-625, 630-635 enthalten.  
45

Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomisch oder mRNA-Sequenzen sein.

50 Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Exon- und Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis

Seq. ID No. 141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/oder Enhancern.

- 5 Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) Seq. ID No. 1-141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555 werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen
- 10 hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer
- 15 eingesetzt werden (s. Fig. 5).

Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

**Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen**

- 5 Nukleinsäuren= Unter Nukleinsäuren sind in der vorliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollständige cDNA und genomische Gene (Chromosomen).
- ORF = Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.
- 10 Contig = eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus)
- Singleton= ein Contig, der nur eine Sequenz enthält
- 15 Modul = Domäne eines Proteins mit einer definierten Sequenz, die eine strukturelle Einheit darstellt und in unterschiedlichen Proteinen vorkommt
- 20 N = wahlweise das Nukleotid A, T, G oder C
- X = wahlweise eine der 20 natürlich vorkommenden Aminosäuren

**Erklärung zu den Alignmentparametern**

- minimal initial match= minimaler anfänglicher Identitätsbereich
- maximum pads per read= maximale Anzahl von Insertionen
- 30 maximum percent mismatch= maximale Abweichung in %

**Erklärung der Abbildungen**

- 35 Fig. 1 zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank.
- Fig. 2a zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung
- 40 Fig. 2b1-2b4 zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung
- Fig. 3 zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben
- 45 Fig. 4a zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern.
- Fig. 4b zeigt den elektronischen Northern
- 50 Fig. 5 zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

5

## Beispiel 1

### Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengenen

10

Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet. Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorherigen Consensussequenzen sowie den Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend bei 4% mismatch assembliert. Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und Fails als Ausgangsbasis für die Gewebsvergleiche verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametern sämtliche Sequenzen von einander unabhängige Genbereiche darstellten.

30 Fig. 2b1-2b4 veranschaulicht die Verlängerung der Uterusgewebe ESTs.

Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (Fig. 3). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war es wichtig, daß diese voneinander unabhängig waren.)

Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen, die für das erste bzw. das zweite Gewebe spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet. Sämtliche, die Auswertung der assemblierten Sequenzen betreffenden Programme, wurden selbst entwickelt.

Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und Normal-Geweben untersucht wurde (s. Fig. 4a und Fig. 4b). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und ihre Übersetzung in mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine kodierende Regionen untersucht.

## B ispi 12

### 5 Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiellen cDNA-Sequenzen mit verändertem Expressionsmuster

Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. Fig. 4b).

10

## 2.1 Elektronischer Northern-Blot

15 Zu einer partiellen DNA-Sequenz *S*, z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines Standardprogramms zur Homologiesuche, z. B. BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) *J. Mol. Biol.*, **215**, 403-410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schäffer, A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) *Nucleic Acids Research* **25** 3389-3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **85** 2444-2448), die homologen Sequenzen in  
20 verschiedenen nach Geweben geordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) Gewebespezifischen Vorkommenshäufigkeiten dieser Partial-Sequenz *S* werden als elektronischer Northern-Blot bezeichnet.

25

### 2.1.1

30 Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 136 gefunden, die 15,6 .x stärker im Endometriumtumor als im Normalgewebe vorkommt.

Das Ergebnis ist wie folgt:



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 136

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0102	0.0038	2.7221	0.3674
	Duennndarm	0.0092	0.0165	0.5561	1.7982
	Eierstock	0.0090	0.0078	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0150	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0059	0.0031	1.9199	0.5209
	Haematopoetisch	0.0040	0.0379	0.1059	9.4460
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0114	0.0041	2.7942	0.3579
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0120	0.8567	1.1673
20	Niere	0.0081	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0104			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0076			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0171			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northern gefunden:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 1

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0038	0.0056	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0030	0.0104	0.2878	3.4745
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0030	0.0031	0.9599	1.0417
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0031	0.0000	undef	0.0000
20	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
35	Zervix	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
40	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
45	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
50	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
60	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0077			
65	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0042			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 2

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.3166	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 3

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0281	0.2774	3.6055
	Brust	0.0090	0.0188	0.4764	2.0992
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0176	0.4852	2.0611
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0118	0.0123	0.9599	1.0417
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0073	0.0020	3.5562	0.2812
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0240	0.1428	7.0040
20	Niere	0.0136	0.0274	0.4956	2.0176
	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0149	0.7312	1.3677
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1583	0.0427	23.4317
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0272	0.2806	3.5642
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0160			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0194			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0145			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0272			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0076			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0194			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0120			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Uterus_n	0.0083			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 4

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0165	0.0000	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0015	0.0021	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0077	2.5211	0.3967
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0213			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0167			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 5

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0038	0.0038	1.0208	0.9796
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000	undef
	Gehirn	0.0015	0.0021	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0053	0.0137	0.3855	2.5941
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2991	3.3428
	Penis	0.0060	0.0267	0.2246	4.4517
	Prostata	0.0065	0.0021	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.1055	0.1280	7.8106
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0078			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0759			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 6

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0156	0.0077	2.0339	0.4917
	Brust 0.0051	0.0075	0.6805	1.4694
	Duennndarm 0.0123	0.0331	0.3707	2.6973
	Eierstock 0.0120	0.0104	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe 0.0085	0.0075	1.1321	0.8833
10	Gastrointestinal 0.0096	0.0278	0.3451	2.8974
	Gehirn 0.0133	0.0164	0.8100	1.2346
	Haematopoetisch 0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz 0.0170	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge 0.0197	0.0164	1.2066	0.8288
	Magen-Speiserohre 0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett 0.0034	0.0180	0.1904	5.2530
20	Niere 0.0054	0.0274	0.1983	5.0439
	Pankreas 0.0066	0.0055	1.1966	0.8357
	Penis 0.0240	0.0267	0.8985	1.1129
	Prostata 0.0044	0.0192	0.2275	4.3961
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium 0.0229	0.0272	0.8417	1.1881
	Uterus_allgemein 0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0192			
	Prostata-Hyperplasie 0.0059			
	Samenblase 0.0089			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0104			
	Zervix 0.0106			
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0139			
	Gastrointestinal 0.0250			
	Gehirn 0.0063			
40	Haematopoetisch 0.0157			
	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0260			
	Herz-Blutgefuesse 0.0178			
	Lunge 0.0036			
45	Nebenniere 0.0000			
	Niere 0.0000			
	Placenta 0.0121			
	Prostata 0.0000			
50	Sinnesorgane 0.0251			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0136			
55	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0354			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0245			
	Gastrointestinal 0.0244			
60	Haematopoetisch 0.0228			
	Haut-Muskel 0.0551			
	Hoden 0.0386			
	Lunge 0.0082			
	Nerven 0.0181			
65	Prostata 0.0068			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Uterus_n 0.0167			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 7

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0026	0.0019	1.3611	0.7347
	Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0026	2.3025	0.4343
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0139	0.6903	1.4487
	Gehirn	0.0037	0.0092	0.4000	2.5001
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0042	0.0041	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0120	0.0000	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0043	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0082			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Uterus_n	0.0000			



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 8

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Prostata-Hyperplasie	0.0000	0.0000	undef	undef
	Samenblase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Sinnesorgane	0.0118	0.0000	undef	undef
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009	0.0000	undef	undef
35	Zervix	0.0000	0.0000	undef	undef
40					
45					
50					
55					
60					
65					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 9

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
65	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 10

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust 0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0000			
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Gehirn 0.0000			
40	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0000			
	Lunge 0.0000			
45	Nebenniere 0.0000			
	Niere 0.0000			
	Placenta 0.0000			
	Prostata 0.0000			
50	Sinnesorgane 0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0000			
55	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0000			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0000			
60	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0000			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0000			
65	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Uterus_n 0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 11

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust	0.0090		0.0188		0.4764	2.0992
	Duennndarm	0.0153		0.0000		undef	0.0000
	Eierstock	0.0000		0.0000		undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0051		0.0050		1.0189	0.9815
	Gastrointestinal	0.0038		0.0000		undef	0.0000
	Gehirn	0.0000		0.0000		undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Herz	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hoden	0.0115		0.0117		0.9839	1.0163
20	Lunge	0.0000		0.0000		undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000		0.0000		undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000		0.0000		undef	undef
	Niere	0.0000		0.0000		undef	undef
25	Pankreas	0.0066		0.0055		1.1966	0.8357
	Penis	0.0000		0.0000		undef	undef
	Prostata	0.0131		0.0213		0.6142	1.6282
	Uterus_Endometrium	0.0000		0.1583		0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032					
	Prostata-Hyperplasie	0.0178					
35	Samenblase	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017					
	Zervix	0.0106					
		FOETUS					
		%Haeufigkeit					
40	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0028					
	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
45	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0000					
50	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Placenta	0.0000					
	Prostata	0.0000					
55	Sinnesorgane	0.0000					
	Brust	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0000					
60	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
65	Haut-Muskel	0.0000					
	Hoden	0.0154					
	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0000					
	Prostata	0.0342					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Uterus_n	0.0000					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 12

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
20	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Prostata-Hyperplasie	0.0000	0.0000	undef	undef
	Samenblase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	undef	undef
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Zervix	0.0000	0.0000	undef	undef
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
40	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
45	Herz-Blutgefuesse	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0072	0.0000	undef	undef
	Nebenniere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
50	Placenta	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	undef	undef
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock_n	0.0000	0.0000	undef	undef
60	Eierstock_t	0.0051	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Foetal	0.0035	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
65	Haematopoetisch	0.0057	0.0000	undef	undef
	Haut-Muskel	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Nerven	0.0030	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_n	0.0000	0.0000	undef	undef

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 13

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0038	0.0019	2.0416	0.4898
	Duenndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0201	0.1698	5.8889
	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0081	0.0072	1.1314	0.8839
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
20	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
25	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0043	1.5354	0.6513
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1583	0.0427	23.4317
30	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0093			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0309			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0100			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0250			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 14

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 15

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust	0.0000		0.0000		undef	undef
	Duennndarm	0.0000		0.0000		undef	undef
	Eierstock	0.0000		0.0000		undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000		0.0000		undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000		0.0000		undef	undef
	Gehirn	0.0000		0.0000		undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Herz	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Lunge	0.0000		0.0000		undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000		0.0000		undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000		0.0000		undef	undef
	Niere	0.0000		0.0000		undef	undef
25	Pankreas	0.0000		0.0000		undef	undef
	Penis	0.0000		0.0000		undef	undef
	Prostata	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000		0.1055		0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0000					
35	Samenblase	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
	Zervix	0.0000					
40	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
45	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0000					
55	Placenta	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
65	Eierstock_t	0.0000					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
70	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0000					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
75	Nerven	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Uterus_n	0.0000					



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 16

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0128	0.6102	1.6389
	Brust	0.0153	0.0188	0.8166	1.2245
	Duenn darm	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0182	0.4934	2.0268
	Endokrines_Gewebe	0.0187	0.0100	1.8679	0.5354
10	Gastrointestinal	0.0192	0.0324	0.5917	1.6901
	Gehirn	0.0067	0.0205	0.3240	3.0866
	Haematopoetisch	0.0147	0.0379	0.3882	2.5762
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0143	0.0323	0.4412	2.2666
15	Herz	0.0148	0.0275	0.5397	1.8529
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0156	0.0102	1.5241	0.6561
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0307	0.9454	1.0578
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0120	1.2850	0.7782
20	Niere	0.0407	0.0068	5.9478	0.1681
	Pankreas	0.0132	0.0110	1.1966	0.8357
	Penis	0.0120	0.0267	0.4493	2.2259
	Prostata	0.0153	0.0085	1.7913	0.5582
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0068	3.3668	0.2970
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0165			
	Zervix	0.0319			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0393			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0476			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.1114			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0175			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0292			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0310			
	Uterus_n	0.0167			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 17

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0111	0.0031	3.5998	0.2778
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0041	0.7621	1.3122
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0070			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0100			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0208			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 18

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0256	0.3051	3.2777
	Brust	0.0090	0.0113	0.7939	1.2595
	Duenndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0286	0.3140	3.1849
	Endokrines_Gewebe	0.0255	0.0050	5.0944	0.1963
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0185	0.5177	1.9316
	Gehirn	0.0044	0.0082	0.5400	1.8520
	Haematopoetisch	0.0134	0.0379	0.3529	2.8338
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0285	0.0194	1.4706	0.6800
15	Herz	0.0042	0.0275	0.1542	6.4853
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0083	0.0184	0.4516	2.2144
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0109	0.0274	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0017	0.0110	0.1496	6.6857
	Penis	0.0060	0.0533	0.1123	8.9035
	Prostata	0.0262	0.0192	1.3648	0.7327
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1583	0.0427	23.4317
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0297			
	Samenblase	0.0356			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0113			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0188			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0064			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0389			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0080			
65	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0458			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 19

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0102	1.9068	0.5244
	Brust	0.0115	0.0132	0.8750	1.1429
	Duennndarm	0.0123	0.0165	0.7415	1.3487
	Eierstock	0.0060	0.0078	0.7675	1.3029
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0125	0.9509	1.0516
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0139	0.6903	1.4487
	Gehirn	0.0096	0.0041	2.3399	0.4274
	Haematopoetisch	0.0080	0.0379	0.2117	4.7230
	Haut	0.0330	0.2542	0.1300	7.6946
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0127	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0468	0.2460	4.0652
	Lunge	0.0052	0.0082	0.6350	1.5747
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0060	1.4278	0.7004
20	Niere	0.0081	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0055	0.8974	1.1143
	Penis	0.0150	0.0267	0.5616	1.7807
	Prostata	0.0087	0.0106	0.8189	1.2211
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0458	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0384			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0113			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0070			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 20

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.2111	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 21

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 22

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0128	0.0000	undef
	Brust	0.0051	0.0075	0.6805	1.4694
	Duenndarm	0.0123	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0104	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0125	0.8151	1.2268
10	Gastrointestinal	0.0172	0.0093	1.8638	0.5365
	Gehirn	0.0052	0.0010	5.0397	0.1984
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0201	0.0412	0.4883	2.0480
	Hoden	0.0288	0.0234	1.2299	0.8130
	Lunge	0.0114	0.0184	0.6209	1.6105
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0180	0.4759	2.1012
20	Niere	0.0217	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0149	0.0221	0.6731	1.4857
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0170	0.3839	2.6051
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0130			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0052			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0227			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0030			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 23

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0026	3.0509	0.3278
	Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0041	0.1800	5.5559
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0032	0.0137	0.2313	4.3235
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
20	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
	Niere	0.0000	0.0205	0.0000	undef
25	Pankreas	0.0066	0.0055	1.1966	0.8357
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0106			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
45	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0030			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 24

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Brust	0.0064	0.0019	3.4026	0.2939
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0025	2.7170	0.3681
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0118	0.0031	3.8398	0.2604
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0109	0.0000	undef	0.0000
25	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0085	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0377			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0111			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0194			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
75	Nerven	0.0080			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 25

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0041	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
25	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0052			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 26

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0102	1.1441	0.8741
	Brust	0.0038	0.0038	1.0208	0.9796
	Duenndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0025	2.0377	0.4907
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0185	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0037	0.0031	1.1999	0.8334
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0062	0.0041	1.5241	0.6561
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0136	0.0068	1.9826	0.5044
	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0954	0.1067	9.3678
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35					
40					
45					
50					
55					
60					
65					

## NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0140
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0680
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0070
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0042

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 27

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0125	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0059	0.0041	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0064			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0232			
	Uterus_n	0.0083			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 28

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0051		0.0000	undef
	Brust	0.0153		0.0094		1.6333	0.6123
	Duennndarm	0.0000		0.0000		undef	undef
	Eierstock	0.0030		0.0130		0.2303	4.3431
10	Endokrines_Gewebe	0.0034		0.0025		1.3585	0.7361
	Gastrointestinal	0.0019		0.0000		undef	0.0000
	Gehirn	0.0030		0.0000		undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Haut	0.0184		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048		0.0000		undef	0.0000
	Herz	0.0074		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Lunge	0.0000		0.0020		0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000		0.0000		undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0086		0.0060		1.4278	0.7004
	Niere	0.0027		0.0000		undef	0.0000
25	Pankreas	0.0033		0.0000		undef	0.0000
	Penis	0.0030		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068		0.1055		0.0640	15.6211
30	Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0256					
	Prostata-Hyperplasie	0.0000					
35	Samenblase	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009					
	Zervix	0.0000					
		FOETUS					
		%Haeufigkeit					
40	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0028					
	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
45	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0520					
	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0000					
50	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0062					
	Placenta	0.0000					
	Prostata	0.0000					
55	Sinnesorgane	0.0000					
	Brust	0.0204					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0000					
60	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0105					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0171					
65	Haut-Muskel	0.0162					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0060					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Uterus_n	0.0167					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 29

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0128	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0038	0.3403	2.9389
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0078	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
	Gastrointestinal	0.0038	0.0046	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0061	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0085	0.2559	3.9077
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
30	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
40	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
45	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
65	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 30

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0019	1.3611	0.7347
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0104	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0022	0.0010	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0044	0.0064	0.6824	1.4654
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.1055	0.1280	7.8106
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0167			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 31

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0013	0.0056	0.2268	4.4083
	Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0078	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0050	0.3396	2.9444
	Gastrointestinal	0.0038	0.0046	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0037	0.0041	0.8999	1.1112
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
20	Lunge	0.0042	0.0041	1.0161	0.9842
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
	Niere	0.0027	0.0137	0.1983	5.0439
25	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0224			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0082			
75	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 32

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0038	0.0000	undef
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines Gewebe	0.0068	0.0050	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0022	0.0041	0.5400	1.8520
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0129	0.3676	2.7200
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 33

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.2639	0.0256	39.0528
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0000	
	Gehirn	0.0000	
40	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0000	
	Lunge	0.0000	
45	Nebenniere	0.0000	
	Niere	0.0000	
	Placenta	0.0000	
	Prostata	0.0000	
50	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000	
55	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0000	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0000	
60	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0000	
	Hoden	0.0154	
	Lunge	0.0000	
	Nerven	0.0000	
65	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0000	

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 34

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
45	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
50	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
55		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
60	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
65	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 35

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0026	0.0038	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0000	0.0165	0.0000	undef
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0021	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0010	0.0082	0.1270	7.8735
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0081	0.0479	0.1699	5.8845
25	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.2639	0.0256	39.0528
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
35	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
40	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
45	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0036
50	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0340
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
60	Foetal	0.0029
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0171
	Haut-Muskel	0.0000
65	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0246
	Nerven	0.0030
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0083

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 36

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0026		0.0000	undef
	Brust	0.0038		0.0019		2.0416	0.4898
	Duenndarm	0.0031		0.0000		undef	0.0000
	Eierstock	0.0000		0.0000		undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0034		0.0000		undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0057		0.0000		undef	0.0000
	Gehirn	0.0015		0.0010		1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0040		0.0000		undef	0.0000
15	Haut	0.0037		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000		0.0129		0.0000	undef
	Herz	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Lunge	0.0010		0.0000		undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000		0.0000		undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000		0.0120		0.0000	undef
	Niere	0.0000		0.0000		undef	undef
25	Pankreas	0.0000		0.0000		undef	undef
	Penis	0.0030		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0000		0.0021		0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000		0.1055		0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000		0.0068		0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032					
	Prostata-Hyperplasie	0.0000					
35	Samenblase	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035					
	Zervix	0.0000					
		FOETUS					
		%Haeufigkeit					
40	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0039					
45	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0000					
50	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Placenta	0.0000					
	Prostata	0.0000					
55	Sinnesorgane	0.0000					
	Brust	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0000					
60	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0122					
	Haematopoetisch	0.0000					
65	Haut-Muskel	0.0032					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0030					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Uterus_n	0.0000					

## NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 37

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestenstinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefaessee	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 38

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
20	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0120	0.5711	1.7510
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0030			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 39

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust 0.0013	0.0038	0.3403	2.9389
	Duennndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0075	0.0000	undef
10	Gastrointestinal 0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn 0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0404	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0073	0.0020	3.5562	0.2812
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere 0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas 0.0050	0.0055	0.8974	1.1143
	Penis 0.0269	0.1066	0.2527	3.9571
	Prostata 0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0064			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0106			
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Gehirn 0.0000			
40	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0036			
	Lunge 0.0108			
45	Nebenniere 0.0000			
	Niere 0.0062			
	Placenta 0.0000			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
50				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0000			
55	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0101			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0064			
	Gastrointestinal 0.0000			
60	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0000			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0082			
	Nerven 0.0000			
65	Prostata 0.0068			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Uterus_n 0.0042			



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 40

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duenn darm	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0156	0.1919	5.2117
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0096	0.0231	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
25	Pankreas	0.0083	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0106	0.2047	4.8846
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
75	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 41

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 42

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0077	2.0339	0.4917
	Brust	0.0051	0.0113	0.4537	2.2042
	Duennndarm	0.0092	0.0165	0.5561	1.7982
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0251	0.5434	1.8403
	Gastrointestinal	0.0153	0.0185	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0118	0.0041	2.8798	0.3472
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0129	0.7353	1.3600
	Herz	0.0064	0.0275	0.2313	4.3235
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef
20	Lunge	0.0187	0.0164	1.1431	0.8748
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0060	1.1422	0.8755
	Niere	0.0081	0.0205	0.3965	2.5219
25	Pankreas	0.0182	0.0055	3.2906	0.3039
	Penis	0.0120	0.0267	0.4493	2.2259
	Prostata	0.0131	0.0213	0.6142	1.6282
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.1583	0.0854	11.7158
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
35	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0199			
	Zervix	0.0106			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0126			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0490			
	Foetal	0.0122			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0399			
	Haut-Muskel	0.0454			
	Hoden	0.0231			
	Lunge	0.0082			
75	Nerven	0.0301			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0167			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 43

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0102	1.1441	0.8741
	Brust	0.0102	0.0226	0.4537	2.2042
	Duennndarm	0.0123	0.0165	0.7415	1.3487
	Eierstock	0.0030	0.0078	0.3838	2.6058
10	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0150	0.9057	1.1042
	Gastrointestinal	0.0153	0.0046	3.3134	0.3018
	Gehirn	0.0074	0.0103	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0053	0.0379	0.1412	7.0845
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0143	0.0129	1.1029	0.9067
	Herz	0.0074	0.0137	0.5397	1.8529
	Hoden	0.0173	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0125	0.0164	0.7621	1.3122
20	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0060	2.5700	0.3891
	Niere	0.0109	0.0137	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0083	0.0276	0.2991	3.3428
	Penis	0.0150	0.0533	0.2808	3.5614
25	Prostata	0.0196	0.0149	1.3161	0.7598
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0706			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0251			
	Zervix	0.0106			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
40	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0139
	Gehirn	0.0125
45	Haematopoetisch	0.0118
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0217
	Nebenniere	0.0254
55	Niere	0.0185
	Placenta	0.0303
	Prostata	0.0000
60	Sinnesorgane	0.0000

55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
60	Brust	0.0272
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0557
65	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0402
	Gastrointestinal	0.0610
70	Haematopoetisch	0.0342
	Haut-Muskel	0.0486
	Hoden	0.0309
75	Lunge	0.0328
	Nerven	0.0100
	Prostata	0.0274
80	Sinnesorgane	0.0310
	Uterus_n	0.0291

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 44

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0019	1.3611	0.7347
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
20	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Prostata-Hyperplasie	0.0000	0.0000	undef	undef
	Samenblase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	undef	undef
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Zervix	0.0000	0.0000	undef	undef
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
45	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
50	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
60	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
65	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 45

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0013	0.0094	0.1361	7.3472
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
10	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0100	0.1698	5.8889
	Gastrointestinal	0.0134	0.0093	1.4496	0.6898
	Gehirn	0.0052	0.0062	0.8400	1.1905
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0053	0.0412	0.1285	7.7824
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
20	Lunge	0.0052	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0060	1.1422	0.8755
	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
25	Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748	13.3713
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0085	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0204	0.7482	1.3366
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0040			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 46

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0022	0.0010	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 47

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0015	0.0010	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 48

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0015	0.0010	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.2111	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata-Hyperplasie	0.0030	0.0000	undef	undef
35	Samenblase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	undef	undef
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Zervix	0.0000	0.0000	undef	undef
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
45	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Nebenniere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
55	Placenta	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	undef	undef
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	undef	undef
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock_n	0.0000	0.0000	undef	undef
65	Eierstock_t	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Foetal	0.0006	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
70	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut-Muskel	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
75	Nerven	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_n	0.0000	0.0000	undef	undef

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 49

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0165	0.0000	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0050	0.3396	2.9444
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0204			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 50

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 51

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 52

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0125	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 53

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0015	0.0031	0.4800	2.0835
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0441	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0954	0.0000	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 54

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0026	0.0019	1.3611	0.7347
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
25	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0106	0.2047	4.8846
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
40		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
60		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0122			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 55

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0026	2.3025	0.4343
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0050	0.3396	2.9444
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0093	0.6213	1.6096
	Gehirn	0.0022	0.0041	0.5400	1.8520
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0087	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0036
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0017
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0030
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0042



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 56

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0128	0.9153	1.0926
	Brust	0.0051	0.0132	0.3889	2.5715
	Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe	0.0102	0.0125	0.8151	1.2268
10	Gastrointestinal	0.0134	0.0046	2.8992	0.3449
	Gehirn	0.0103	0.0113	0.9163	1.0913
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000	undef
15	Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0173	0.0234	0.7380	1.3551
	Lunge	0.0145	0.0123	1.1854	0.8436
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0190	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0055	0.8974	1.1143
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0085	0.2559	3.9077
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0366			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 57

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0038	0.0075	0.5104	1.9593
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0078	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0077	0.0185	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0096	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
20	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0109	0.0085	1.2795	0.7815
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.1908	0.0000	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0050			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 58

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 59

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0281	0.0226	1.2476	0.8015
	Duennndarm	0.0307	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0153	0.0324	0.4733	2.1127
	Gehirn	0.0044	0.0072	0.6171	1.6205
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0257	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0061	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0180	0.8567	1.1673
20	Niere	0.0217	0.0068	3.1722	0.3152
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.1055	0.1280	7.8106
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0139			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0181			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0303			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0476			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0151			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0050			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0208			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 60

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0102	1.5254	0.6555
	Brust	0.0115	0.0207	0.5568	1.7960
	Duennndarm	0.0215	0.0165	1.2976	0.7707
	Eierstock	0.0240	0.0260	0.9210	1.0858
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0176	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0172	0.0139	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0170	0.0246	0.6900	1.4494
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0238	0.0194	1.2255	0.8160
15	Herz	0.0180	0.0275	0.6553	1.5260
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0156	0.0164	0.9526	1.0498
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0060	1.7133	0.5837
20	Niere	0.0081	0.0411	0.1983	5.0439
	Pankreas	0.0116	0.0055	2.0940	0.4775
	Penis	0.0150	0.0267	0.5616	1.7807
	Prostata	0.0131	0.0043	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.1055	0.1280	7.8106
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0426			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0139			
	Gehirn	0.0125			
40	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0213			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0151			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0194			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0211			
65	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 61

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0128	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0056	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0075	1.5849	0.6309
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0059	0.0072	0.8228	1.2153
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0129	0.3676	2.7200
15	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0031	0.0020	1.5241	0.6561
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0120	0.1428	7.0040
20	Niere	0.0136	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0276	0.1197	8.3571
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0153	0.0170	0.8957	1.1165
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0058			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0030			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 62

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 63

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0078		0.0051		1.5254	0.6555
	Brust	0.0038		0.0094		0.4083	2.4491
	Duenndarm	0.0031		0.0331		0.0927	10.7893
	Eierstock	0.0150		0.0208		0.7195	1.3898
	Endokrines_Gewebe	0.0136		0.0100		1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0230		0.0046		4.9700	0.2012
	Gehirn	0.0096		0.0082		1.1699	0.8547
	Haematopoetisch	0.0094		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0110		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000		0.0065		0.0000	undef
15	Herz	0.0053		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0173		0.0000		undef	0.0000
	Lunge	0.0052		0.0041		1.2701	0.7873
	Magen-Speiserohre	0.0387		0.0077		5.0421	0.1983
	Muskel-Skelett	0.0051		0.0120		0.4283	2.3347
20	Niere	0.0081		0.0274		0.2974	3.3626
	Pankreas	0.0083		0.0110		0.7479	1.3371
	Penis	0.0150		0.0267		0.5616	1.7807
	Prostata	0.0044		0.0043		1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0068		0.2111		0.0320	31.2422
25	Uterus_Myometrium	0.0076		0.0068		1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0051		0.0000		undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0256					
	Prostata-Hyperplasie	0.0089					
	Samenblase	0.0000					
30	Sinnesorgane	0.0235					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061					
	Zervix	0.0000					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0278					
	Gastrointestinal	0.0056					
	Gehirn	0.0000					
40	Haematopoetisch	0.0236					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0356					
	Lunge	0.0289					
45	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0124					
	Placenta	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0628					
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0204					
	Eierstock_n	0.1595					
	Eierstock_t	0.0000					
55	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0047					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0228					
	Haut-Muskel	0.0097					
60	Hoden	0.0231					
	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0100					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
65	Uterus_n	0.0083					



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 64

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0244	0.0137	1.7843	0.5604
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 66

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 67

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0038	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0022	0.0010	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 68

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0128	0.6102	1.6389
	Brust	0.0038	0.0188	0.2042	4.8982
	Duenndarm	0.0153	0.0331	0.4634	2.1579
	Eierstock	0.0120	0.0208	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0125	1.0868	0.9201
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0052	0.0041	1.2599	0.7937
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0847	0.0000	undef
	Hepatisch	0.0095	0.0194	0.4902	2.0400
15	Herz	0.0307	0.0275	1.1179	0.8945
	Hoden	0.0000	0.0351	0.0000	undef
	Lunge	0.0042	0.0286	0.1452	6.8893
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0120	0.4283	2.3347
20	Niere	0.0054	0.0137	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0116	0.0110	1.0470	0.9551
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0106	0.4095	2.4423
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.1583	0.0854	11.7158
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0204	0.3741	2.6732
	Uterus_allgemein	0.0102	0.1908	0.0534	18.7357
	Brust-Hyperplasie	0.0160			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0130			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0557			
	Gastrointestinal	0.0194			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0748			
50	Sinnesorgane	0.0126			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0105			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0421			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0030			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 69

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 70

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 71

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0230	0.0000	undef
	Brust	0.0051	0.0056	0.9074	1.1021
	Duennndarm	0.0215	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0182	0.3289	3.0402
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0728	0.0185	3.9346	0.2542
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0259	0.1838	5.4400
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0173	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0114	0.0061	1.8628	0.5368
	Magen-Speiseroehre	0.0387	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0081	0.0068	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0033	0.0055	0.5983	1.6714
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0065	0.0106	0.6142	1.6282
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0608			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 72

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.2111	0.0320	31.2422
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0309			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0366			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0040			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 73

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust	0.0013		0.0019		0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0000		0.0165		0.0000	undef
	Eierstock	0.0000		0.0078		0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000		0.0000		undef	undef
	Gastrointestinal	0.0019		0.0000		undef	0.0000
	Gehirn	0.0007		0.0021		0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Herz	0.0021		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0000		0.0234		0.0000	undef
	Lunge	0.0021		0.0061		0.3387	2.9526
20	Magen-Speiseroehre	0.0000		0.0000		undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000		0.0000		undef	undef
	Niere	0.0000		0.0000		undef	undef
	Pankreas	0.0000		0.0000		undef	undef
	Penis	0.0000		0.0000		undef	undef
25	Prostata	0.0000		0.0043		0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000		0.1055		0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
30	Prostata-Hyperplasie	0.0030					
	Samenblase	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017					
	Zervix	0.0000					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
40	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Gehirn	0.0063					
	Haematopoetisch	0.0039					
45	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0071					
	Lunge	0.0072					
50	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Placenta	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
60	Brust	0.0136					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0000					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
65	Foetal	0.0029					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0114					
	Haut-Muskel	0.0000					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0010					
	Prostata	0.0137					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Uterus_n	0.0000					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 74

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0051	1.5254	0.6555
	Brust	0.0051	0.0075	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0125	0.9509	1.0516
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0046	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0059	0.0051	1.1519	0.8681
	Haematopoetisch	0.0187	0.0379	0.4940	2.0241
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0073	0.0041	1.7781	0.5624
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0120	0.0000	undef
20	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0043	1.5354	0.6513
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.2513			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0083			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 75

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0026	0.0038	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0090	0.0078	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0075	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0231	0.0828	12.0723
	Gehirn	0.0089	0.0031	2.8798	0.3472
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0031	0.0061	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0151			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0208			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 76

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.2111	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 77

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 78

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0213			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 79

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0050	0.3396	2.9444
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0031	0.2400	4.1669
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0129	0.3676	2.7200
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 80

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 81

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 82

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0077	0.0150	0.5104	1.9593
	Duenn darm	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0208	0.4317	2.3163
	Endokrines Gewebe	0.0068	0.0150	0.4528	2.2083
10	Gastrointestinal	0.0268	0.0231	1.1597	0.8623
	Gehirn	0.0081	0.0123	0.6600	1.5152
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
15	Herz	0.0011	0.0412	0.0257	38.9118
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0031	0.0123	0.2540	3.9367
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0060	1.7133	0.5837
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0166	0.2991	3.3428
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0305	0.0554	0.5512	1.8143
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0125			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0507			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0253			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0070			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0131			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 83

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust	0.0000		0.0000		undef	undef
	Duennndarm	0.0000		0.0000		undef	undef
	Eierstock	0.0000		0.0000		undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000		0.0000		undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000		0.0000		undef	undef
	Gehirn	0.0000		0.0000		undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Herz	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Lunge	0.0000		0.0000		undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000		0.0000		undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000		0.0000		undef	undef
	Niere	0.0000		0.0000		undef	undef
25	Pankreas	0.0000		0.0000		undef	undef
	Penis	0.0000		0.0000		undef	undef
	Prostata	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000		0.1055		0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0000					
35	Samenblase	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
	Zervix	0.0000					
40	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
45	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0000					
55	Placenta	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
65	Eierstock_t	0.0000					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
70	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0000					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
75	Nerven	0.0050					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Uterus_n	0.0000					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 84

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 85

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 86

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 87

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0204	0.1907	5.2444
	Brust	0.0128	0.0075	1.7013	0.5878
	Duennndarm	0.0123	0.0165	0.7415	1.3487
	Eierstock	0.0030	0.0078	0.3838	2.6058
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0139	0.2761	3.6217
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0044	0.0149	0.2925	3.4192
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 88

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0010	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 89

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0042			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 90

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Prostata-Hyperplasie	0.0000	0.0000	undef	undef
	Samenblase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	undef	undef
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Zervix	0.0000	0.0000	undef	undef
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
40	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0039	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
45	Herz-Blutgefuesse	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Nebenniere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
50	Placenta	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	undef	undef
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock_n	0.0000	0.0000	undef	undef
60	Eierstock_t	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Foetal	0.0006	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
65	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut-Muskel	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
65	Nerven	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_n	0.0000	0.0000	undef	undef

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 91

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0090	0.0038	2.3818	0.4198
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
	Endokrines Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0037	0.0021	1.7999	0.5556
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0847	0.1300	7.6946
	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0050			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 92

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 93

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 94

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duendarm	0.0000	0.0165	0.0000	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0075	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0022	0.0010	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0136	0.5611	1.7821
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.2513			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefasse	0.0107			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0208			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 95

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 96

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 97

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
20	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 98

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	0.0026	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
	Duendarm	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686		
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef		
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000		
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000		
	Haut	0.0330	0.0000	undef	0.0000		
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef		
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef		
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef		
	Penis	0.0000	0.0533	0.0000	undef		
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769		
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef		
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Brust-Hyperplasie	0.0064					
	Prostata-Hyperplasie	0.0000					
	Samenblase	0.0000					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017					
	Zervix	0.0000					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Gehirn	0.0063					
40	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0000					
45	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Placenta	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0000					
55	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0000					
60	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0030					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
65	Uterus_n	0.0083					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 99

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 100

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0025	2.0377	0.4907
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0022	0.0010	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0052	0.0020	2.5402	0.3937
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefasse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 101

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 102

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 103

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0165	0.0000	undef
	Eierstock	0.0000	0.0078	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0015	0.0021	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0041	0.2540	3.9367
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0040			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 104

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 105

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0090	0.0038	2.3818	0.4198
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0037	0.0021	1.7999	0.5556
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0847	0.1300	7.6946
	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	_Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0050			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 106

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 107

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
65	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 108

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0051	0.0038	1.3611	0.7347
	Duenndarm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0050	0.6792	1.4722
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0037	0.0062	0.6000	1.6668
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0031	0.0041	0.7621	1.3122
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0267	0.1123	8.9035
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
30	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0126			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0164			
75	Nerven	0.0030			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0310			
	Uterus_n	0.0042			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 109

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 110

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 111

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0022	0.0021	1.0799	0.9260
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0041	0.2540	3.9367
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestenstinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefesaesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0070			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0231			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0050			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus n	0.0125			



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 112

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0022	0.0010	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 113

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Brust	0.0038	0.0038	1.0208	0.9796
	Duennndarm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0050	1.0189	0.9815
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0037	0.0062	0.6000	1.6668
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0031	0.0041	0.7621	1.3122
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0060	0.0267	0.2246	4.4517
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
30	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0126			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0136			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0052			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0164			
75	Nerven	0.0030			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0310			
	Uterus_n	0.0042			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 114

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0060	0.0078	0.7675	1.3029
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0038	0.0093	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0022	0.0021	1.0799	0.9260
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0095	0.0412	0.2313	4.3235
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0031	0.0164	0.1905	5.2490
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0180	0.3807	2.6265
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
25	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0064	0.3412	2.9308
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.2111	0.0320	31.2422
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0204	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0106			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0062			
55	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.1595			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0087			
	Gastrointestinal	0.0244			
70	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0356			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
75	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0250			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 115

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000	0.0000		
	Prostata-Hyperplasie	0.0000	0.0000		
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
45	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
50	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
60	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0000			
65	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 116

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0077	0.5085	1.9666
	Brust	0.0128	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0061	0.0165	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0050	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0046	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0037	0.0051	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0042	0.0137	0.3084	3.2426
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0042	0.0041	1.0161	0.9842
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0076			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0228			
	Haut-Muskel	0.0227			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Uterus_n	0.0083			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 117

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0038	0.0094	0.4083	2.4491
	Duenndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0021	0.0137	0.1542	6.4853
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0041	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0128	0.3412	2.9308
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0456			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 118

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 119

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0038	0.3403	2.9389
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0050	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0041	0.1800	5.5559
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0110			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Uterus_n	0.0000			



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 120

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0077	2.5424	0.3933
	Brust	0.0090	0.0075	1.1909	0.8397
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0078	0.7675	1.3029
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0125	0.5434	1.8403
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0093	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0059	0.0031	1.9199	0.5209
	Haematopoetisch	0.0027	0.0758	0.0353	28.3379
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0042	0.0041	1.0161	0.9842
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0109	0.0137	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0145			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0228			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 121

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 122

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0234		0.0230		1.0170	0.9833
	Brust	0.0269		0.0207		1.2992	0.7697
	Duennndarm	0.0061		0.0662		0.0927	10.7893
	Eierstock	0.0150		0.0572		0.2616	3.8219
	Endokrines_Gewebe	0.0085		0.0100		0.8491	1.1778
10	Gastrointestinal	0.0134		0.0463		0.2899	3.4492
	Gehirn	0.0015		0.0092		0.1600	6.2504
	Haematopoetisch	0.0094		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0551		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0143		0.0388		0.3676	2.7200
15	Herz	0.0085		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0058		0.0117		0.4920	2.0326
	Lunge	0.0073		0.0286		0.2540	3.9367
	Magen-Speiseroehre	0.0966		0.0077		12.6053	0.0793
	Muskel-Skelett	0.0000		0.0060		0.0000	undef
20	Niere	0.0054		0.0068		0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0050		0.0055		0.8974	1.1143
	Penis	0.0329		0.1600		0.2059	4.8565
	Prostata	0.0087		0.0043		2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0000		0.1055		0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0128					
	Prostata-Hyperplasie	0.0149					
	Samenblase	0.0178					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017					
	Zervix	0.0532					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0417					
	Gastrointestinal	0.0056					
	Gehirn	0.0000					
40	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0071					
	Lunge	0.0036					
45	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0062					
	Placenta	0.0121					
	Prostata	0.0249					
	Sinnesorgane	0.0000					
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0136					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0101					
55	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0146					
	Gastrointestinal	0.0366					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0032					
60	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0573					
	Nerven	0.0040					
	Prostata	0.0205					
	Sinnesorgane	0.0077					
65	Uterus_n	0.0000					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 123

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0007	0.0031	0.2400	4.1669
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 124

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0165	0.0000	undef
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0037	0.0010	3.5998	0.2778
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
15	Herz	0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0017	0.0110	0.1496	6.6857
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0065	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0082			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0100			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0042			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 125

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0077	2.5424	0.3933
	Brust	0.0064	0.0075	0.8507	1.1756
	Duenndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0153	0.0226	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0093	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0081	0.0092	0.8800	1.1364
	Haematopoetisch	0.0067	0.0379	0.1764	5.6676
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0194	0.2451	4.0800
15	Herz	0.0106	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0083	0.0102	0.8129	1.2302
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0180	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0081	0.0068	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0329	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0153	0.0064	2.3885	0.4187
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.1055	0.1280	7.8106
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0136	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0069			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0099			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0171			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0342			
	Sinnesorgane	0.0387			
	Uterus_n	0.0250			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 126

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 127

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0312		0.0486		0.6423	1.5569
	Brust	0.0192		0.0282		0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0399		0.0000		undef	0.0000
	Eierstock	0.0210		0.0364		0.5756	1.7372
10	Endokrines_Gewebe	0.0290		0.0326		0.8882	1.1258
	Gastrointestinal	0.0460		0.0231		1.9880	0.5030
	Gehirn	0.0532		0.0575		0.9257	1.0803
	Haematopoetisch	0.0348		0.0379		0.9175	1.0899
15	Haut	0.0367		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048		0.0647		0.0735	13.5999
	Herz	0.0699		0.0412		1.6961	0.5896
	Hoden	0.0288		0.4210		0.0683	14.6349
20	Lunge	0.0343		0.0368		0.9314	1.0737
	Magen-Speiserohre	0.0773		0.0230		3.3614	0.2975
	Muskel-Skelett	0.0497		0.0660		0.7528	1.3283
	Niere	0.0353		0.1575		0.2241	4.4619
25	Pankreas	0.0165		0.0939		0.1760	5.6828
	Penis	0.0299		0.0267		1.1232	0.8903
	Prostata	0.0196		0.0298		0.6580	1.5197
	Uterus_Endometrium	0.0270		0.1583		0.1707	5.8579
30	Uterus_Myometrium	0.0229		0.0679		0.3367	2.9702
	Uterus_allgemein	0.0051		0.0954		0.0534	18.7357
	Brust-Hyperplasie	0.0192					
	Prostata-Hyperplasie	0.0505					
35	Samenblase	0.0890					
	Sinnesorgane	0.0353					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0399					
	Zervix	0.0319					
40	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0417					
	Gastrointestinal	0.0333					
45	Gehirn	0.0313					
	Haematopoetisch	0.0197					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
50	Herz-Blutgefuesse	0.0783					
	Lunge	0.0217					
	Nebenniere	0.0507					
	Niere	0.0309					
55	Placenta	0.0727					
	Prostata	0.0997					
	Sinnesorgane	0.0000					
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
65	Eierstock_t	0.0152					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0082					
	Gastrointestinal	0.0244					
70	Haematopoetisch	0.0057					
	Haut-Muskel	0.0032					
	Hoden	0.0077					
	Lunge	0.0082					
75	Nerven	0.0141					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0310					
	Uterus_n	0.0125					



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 128

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0077	0.5085	1.9666
	Brust	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Duendarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0025	2.7170	0.3681
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0007	0.0031	0.2400	4.1669
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0173	0.0117	1.4759	0.6775
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0081	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.1055	0.1280	7.8106
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0082			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0042			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 129

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0137	0.1983	5.0439
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000	0.0000		
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 130

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0010	0.0041	0.2540	3.9367
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
75	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 131

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0078	0.0128	0.6102	1.6389
	Brust 0.0115	0.0169	0.6805	1.4694
	Duennndarm 0.0000	0.0165	0.0000	undef
	Eierstock 0.0060	0.0260	0.2303	4.3431
	Endokrines_Gewebe 0.0153	0.0176	0.8733	1.1451
10	Gastrointestinal 0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn 0.0074	0.0092	0.8000	1.2501
	Haematopoetisch 0.0080	0.0758	0.1059	9.4460
	Haut 0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
15	Herz 0.0201	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0058	0.0234	0.2460	4.0652
	Lunge 0.0114	0.0164	0.6985	1.4315
	Magen-Speiserohre 0.0193	0.0077	2.5211	0.3967
	Muskel-Skelett 0.0051	0.0120	0.4283	2.3347
20	Niere 0.0136	0.0137	0.9913	1.0088
	Pankreas 0.0066	0.0110	0.5983	1.6714
	Penis 0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0065	0.0128	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium 0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium 0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0096			
	Prostata-Hyperplasie 0.0089			
	Samenblase 0.0089			
30	Sinnesorgane 0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0009			
	Zervix 0.0000			
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0139			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Gehirn 0.0000			
40	Haematopoetisch 0.0079			
	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0260			
	Herz-Blutgefuesse 0.0107			
	Lunge 0.0108			
45	Nebenniere 0.0000			
	Niere 0.0062			
	Placenta 0.0424			
	Prostata 0.0000			
50	Sinnesorgane 0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0204			
55	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0051			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0099			
	Gastrointestinal 0.0244			
60	Haematopoetisch 0.0057			
	Haut-Muskel 0.0259			
	Hoden 0.0077			
	Lunge 0.0082			
	Nerven 0.0090			
65	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Uterus_n 0.0167			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 132

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust	0.0000		0.0000		undef	undef
	Duennndarm	0.0000		0.0000		undef	undef
	Eierstock	0.0000		0.0000		undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000		0.0025		0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0000		0.0000		undef	undef
	Gehirn	0.0000		0.0000		undef	undef
	Haematopoetisch	0.0013		0.0000		undef	0.0000
15	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Herz	0.0011		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0058		0.0000		undef	0.0000
20	Lunge	0.0000		0.0000		undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000		0.0000		undef	undef
	Niere	0.0000		0.0000		undef	undef
25	Pankreas	0.0017		0.0000		undef	0.0000
	Penis	0.0000		0.0000		undef	undef
	Prostata	0.0022		0.0000		undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000		0.1055		0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0000					
35	Samenblase	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
	Zervix	0.0000					
40	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0139					
	Gastrointestinal	0.0000					
45	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0000					
55	Placenta	0.0061					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
65	Eierstock_t	0.0051					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0006					
	Gastrointestinal	0.0000					
70	Haematopoetisch	0.0057					
	Haut-Muskel	0.0000					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
75	Nerven	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Uterus_n	0.0000					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 133

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0141	0.0150	0.9357	1.0687
	Duenndarm	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0120	0.0104	1.1513	0.8686
10	Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0176	0.5822	1.7176
	Gastrointestinal	0.0057	0.0139	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0052	0.0072	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0174	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0234	0.2460	4.0652
20	Lunge	0.0104	0.0204	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0153	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0240	0.3569	2.8016
	Niere	0.0244	0.0000	undef	0.0000
25	Pankreas	0.0066	0.0110	0.5983	1.6714
	Penis	0.0120	0.0267	0.4493	2.2259
	Prostata	0.0153	0.0149	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.2111	0.1280	7.8106
30	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0136	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0327			
35	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0319			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0305			
45	Gehirn	0.0313			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0520			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0253			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0309			
55	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0253			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0093			
	Gastrointestinal	0.0122			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0246			
75	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 134

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0273	0.0383	0.7119	1.4047
	Brust	0.0141	0.0244	0.5758	1.7366
	Duenn darm	0.0245	0.0331	0.7415	1.3487
	Eierstock	0.0120	0.0312	0.3838	2.6058
10	Endokrines_Gewebe	0.0290	0.0201	1.4434	0.6928
	Gastrointestinal	0.0287	0.0278	1.0354	0.9658
	Gehirn	0.0133	0.0298	0.4469	2.2378
	Haematopoetisch	0.0281	0.0379	0.7411	1.3494
15	Haut	0.0073	0.0847	0.0866	11.5419
	Hepatisch	0.0381	0.0259	1.4706	0.6800
	Herz	0.0191	0.1512	0.1262	7.9265
	Hoden	0.0173	0.0702	0.2460	4.0652
20	Lunge	0.0447	0.0470	0.9498	1.0528
	Magen-Speiserohre	0.0773	0.0153	5.0421	0.1983
	Muskel-Skelett	0.0668	0.0420	1.5909	0.6286
	Niere	0.0190	0.0342	0.5551	1.8014
25	Pankreas	0.0066	0.0331	0.1994	5.0142
	Penis	0.0150	0.1600	0.0936	10.6842
	Prostata	0.0196	0.0149	1.3161	0.7598
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
30	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0204	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
35	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.1240			
	Zervix	0.0213			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0111			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0364			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
60	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0408			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0253			
65	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0169			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
70	Haut-Muskel	0.0454			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0000			
75	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
80	Uterus_n	0.0042			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 135

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0390	0.0383	1.0170	0.9833
	Brust	0.0102	0.0301	0.3403	2.9389
	Duennndarm	0.0429	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0156	0.1919	5.2117
10	Endokrines_Gewebe	0.0358	0.0351	1.0189	0.9815
	Gastrointestinal	0.0115	0.0278	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0148	0.0226	0.6545	1.5279
	Haematopoetisch	0.0227	0.2273	0.1000	10.0016
15	Haut	0.0367	0.1695	0.2166	4.6168
	Hepatisch	0.0285	0.0582	0.4902	2.0400
	Herz	0.0445	0.0687	0.6476	1.5441
	Hoden	0.0173	0.0234	0.7380	1.3551
20	Lunge	0.0291	0.0470	0.6185	1.6169
	Magen-Speiserohre	0.0580	0.0153	3.7816	0.2644
	Muskel-Skelett	0.0685	0.0840	0.8159	1.2257
	Niere	0.0244	0.0685	0.3569	2.8022
25	Pankreas	0.0116	0.0607	0.1904	5.2530
	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0131	0.0064	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.6332	0.0213	46.8633
30	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0408	0.1870	5.3463
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0867			
	Zervix	0.0639			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0167
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0236
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
45	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
50	Placenta	0.0182
	Prostata	0.0997
	Sinnesorgane	0.0000

55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
60	Eierstock_t	0.0051
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0035
	Gastrointestinal	0.0122
65	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0077
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0030
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0464
	Uterus_n	0.0000



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 136

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0102	0.0038	2.7221	0.3674
	Duennndarm	0.0092	0.0165	0.5561	1.7982
	Eierstock	0.0090	0.0078	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0150	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0059	0.0031	1.9199	0.5209
	Haematopoetisch	0.0040	0.0379	0.1059	9.4460
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0114	0.0041	2.7942	0.3579
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0120	0.8567	1.1673
20	Niere	0.0081	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0104			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0076			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0171			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 137

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 138

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0051	0.0051	0.0051	3.0509	0.3278
	Brust	0.0000	0.0038	0.0038	0.0038	0.0000	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0331	0.0331	0.0331	0.0000	undef
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0052	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0050	0.0050	0.0050	1.0189	0.9815
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0139	0.0139	0.0139	0.5522	1.8109
	Gehirn	0.0059	0.0062	0.0062	0.0062	0.9599	1.0417
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.0065	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0085	0.0275	0.0275	0.0275	0.3084	3.2426
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0234	0.0234	0.0000	undef
	Lunge	0.0062	0.0143	0.0143	0.0143	0.4355	2.2964
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0137	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0033	0.0276	0.0276	0.0276	0.1197	8.3571
	Penis	0.0120	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0064	0.0064	0.0064	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.1055	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	0.0068	0.0068	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064					
	Prostata-Hyperplasie	0.0030					
	Samenblase	0.0000					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087					
	Zervix	0.0000					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0028					
	Gehirn	0.0000					
40	Haematopoetisch	0.0118					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0107					
	Lunge	0.0108					
45	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Placenta	0.0242					
	Prostata	0.0249					
	Sinnesorgane	0.0000					
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0272					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0253					
55	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0151					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0057					
	Haut-Muskel	0.0356					
60	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0090					
	Prostata	0.0068					
	Sinnesorgane	0.0077					
65	Uterus_n	0.0042					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 139

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0056	0.2268	4.4083
	Duennndarm	0.0061	0.0165	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0120	0.0052	2.3025	0.4343
10	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
	Gastrointestinal	0.0077	0.0046	1.6567	0.6036
	Gehirn	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0275	0.0000	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0041	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
25	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0064	0.6824	1.4654
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
45	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0251			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0244			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
75	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 140

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0051	0.0094	0.5444	1.8368
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0100	0.8491	1.1778
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0015	0.0041	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0137	0.0771	12.9706
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0042	0.0020	2.0321	0.4921
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0110	0.1496	6.6857
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0044	0.0043	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0116			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 141

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0064	0.0150	0.4253	2.3511
	Duenndarm	0.0000	0.0496	0.0000	undef
	Eierstock	0.0060	0.0026	2.3025	0.4343
10	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0050	1.3585	0.7361
	Gastrointestinal	0.0096	0.0046	2.0708	0.4829
	Gehirn	0.0052	0.0051	1.0079	0.9921
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0083	0.0061	1.3548	0.7381
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0103	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0033	0.0055	0.5983	1.6714
	Penis	0.0120	0.0267	0.4493	2.2259
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000	0.0000		
	Prostata-Hyperplasie	0.0000	0.0000		
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0139			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0136			
	Eierstock_n	0.0000			
60	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0082			
	Gastrointestinal	0.0000			
65	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0040			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## 2.2 Fisher-Test

- 5 Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz  $S$  eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.
- 10 Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu  $S$  homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu  $S$  gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

15

### Beispiel 3

#### 20 Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz

Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz  $S$  vollzieht sich in drei Schritten:

- 25 1. Ermittlung aller zu  $S$  homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST
2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research 23 4992-4999) (Contig-Bildung).
- 30 3. Berechnung einer Konsens-Sequenz  $C$  aus den assemblierten Sequenzen
- 35 Die Konsens-Sequenz  $C$  wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz  $S$ . Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für  $S$  abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht,  $C$  in gleicher Weise wie  $S$  zu verlängern. Diese
- 40 Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen  $C_i$  ( $i$ : Index der Iteration) fortgesetzt, bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if  $H_0$  Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while  $C_i > C_{i-1}$ ; Abbruchkriterium II).
- 45 Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplette Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.
- 50 Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Uterustumorgewebe gefunden werden.

5 Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

10

#### Beispiel 4

##### Kartierung der Nukleinsäure-Sequenzen auf dem humanen Genom

15 Die Kartierung der humanen Gene erfolgte unter Verwendung des Stanford G3 Hybrid-Panels (Stewart et al., 1997), der von Research Genetics, Huntsville, Alabama vertrieben wird. Dieses Panel besteht aus 83 verschiedenen genomischen DNAs von Mensch-Hamster Hybridzelllinien und erlaubt eine Auflösung von 500 Kilobasen. Die Hybridzelllinien wurden durch Fusion von bestrahlten diploiden  
20 menschlichen Zellen mit Zellen des Chinesischen Hamsters gewonnen. Das Rückhaltemuster der humanen Chromosomenfragmente wird mittels genspezifischer Primer in einer Polymerase-Kettenreaktion bestimmt und mit Hilfe der vom Stanford RH Server verfügbaren Software analysiert ([http://www.stanford.edu/RH/rhserver\\_form2.html](http://www.stanford.edu/RH/rhserver_form2.html)). Dieses Programm bestimmt den STS-Marker, der am nächsten zum  
25 gesuchten Gen liegt. Die entsprechende zytogenetische Bande wurde unter Verwendung des "Mapview" -Programms der Genome Database (GDB), (<http://gdbwww.dkfz-heidelberg.de>) bestimmt.

Neben dem kartieren von Genen auf dem menschlichen Chromosomensatz durch verschiedene experimentelle Methoden ist es möglich die Lage von Genen auf  
30 diesem durch bioinformatische Methoden zu bestimmen. Dazu wurde das bekannte Programm e-PCR eingesetzt (Schuler GD (1998) Electronic PCR: bridging the gap between genome mapping and genome sequencing. Trends Biotechnol 16; 456-459, Schuler GD (1997). Sequence mapping by electronic PCR. Genome Res 7; 541-550). Die dabei eingesetzte Datenbank entspricht nicht mehr der in der Literatur  
35 angegebenen, sondern ist eine Weiterentwicklung, welche Daten der öffentlichen Datenbank RHdb (<http://www.ebi.ac.uk/RHdb/index.html>) einschließt. Analog zu der Kartierung durch die Hybrid-Panels erfolgte eine Auswertung der Ergebnisse mit der obengenannten Software und der Software des Whitehead-Institutes (<http://carbon.wi.mit.edu:8000/cgi-bin/contig/rhmapper.pl>).

40



Legende zu den Modulen:

Pfam: Protein families database of alignments and HMMs (pfam@sanger.ac.uk)

PROSITE: The PROSITE database, its status in 1999, Nucleic Acids Res. 27: 215-219 (<http://www.expasy.ch/sprot/prosite.html>)

5 TABELLE I

Sequenz ID No.:	Expression im Endometrium-Tumor:	Funktion	Module	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Cytogenetische Lokalisation	nächster Marker
1	erhöht	unbekannt		1046	2p24-2p21	D2S174-D2S390
2	erhöht	Mouse mammary tumor virus proviral envelope gene Polymerase protein	2x "CSD"	373		
3	erhöht	Homolog zu Human protein kinase C-binding protein RACK17		1571	1q32.1	D1S477-D1S504
4	erhöht	Homolog zu Human mRNA for KIAA0079		1789	10q21.3-q22.2	D10S537-D10S218
5	erhöht	Caenorhabditis elegans cosmid T23B12	"BTB"	2361		
6	erhöht	Caenorhabditis elegans cosmid C01A2		1638	20q13.32-q13.33	D20S100-D20S173
7	erhöht	unbekannt		1034	12q12	D12S1589-D12S85
8	erhöht	unbekannt		947	17p11.2-p12	AFMa126yd5
9	erhöht	unbekannt		497		
10	erhöht	unbekannt		269		
11	erhöht	unbekannt		1717		
12	erhöht	unbekannt	"zf-C3HC4"	1419		
13	erhöht	unbekannt		671	2q37.3	D2S2704
14	erhöht	unbekannt		524		
15	erhöht	unbekannt		345		
16	erhöht	rGSTK1-1=glutathione S-transferase subunit 13		1060	7q33-7q36.1	WI-9353
17	erhöht	Rattus norvegicus neuritin		1721	6p23-p25.1	D6S1617-D6S1674
18	erhöht	Rattus norvegicus cytosolic NADP-dependent isocitrate dehydrogenase	"isodh"	2367	2q34	WI-1247
19	erhöht	Rat unr mRNA for unr protein with unknown function	2x "CSD"	1321	1p13.3-1q11	D1S418-D1S252
20	erhöht	Rat prostatic binding protein polypeptide c1		384		
21	erhöht	Rat GTP-binding protein (ral B)		367		
22	erhöht	R.norvegicus mRNA for TRAP-complex gamma subunit		2621	3q24-q25.2	D3S1570
23	erhöht	P.sativum mRNA for Cop1 protein	2x "G-beta"	2019	1q23.3-q24.3	D1S242-D1S416
24	erhöht	P.falciptarum pfmdr1 gene		1866	18q12.1-q12.3	AFM164ya9
25	erhöht	ORF 5' of ECLF2...ECRF3=G protein-coupled receptor homolog		1189		

Sequenz ID No.:	Expression im Endometrium-Tumor:	Funktion	Module	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Cytogenetische Lokalisation	nächster Marker
26	erhöht	O. cuniculus lambda-crystallin mRNA	"3HCDH"	1418		
27	erhöht	Mus musculus flotillin		814		
28	erhöht	Mouse glycerol-3-phosphate acyltransferase		3039	10q25.1-q25.2	D10S1465
29	erhöht	Mouse clathrin-associated protein (AP47)	"Adap_comp_sub"	1448		
30	erhöht	Lycopersicon esculentum biotin-containing subunit of methylcrotonyl-CoA carboxylase	"CPSase_L_chain", "biotin_req_enzy"	1394		
31	erhöht	Leucine aminopeptidase, bovine	"Peptidase_M17"	734		
32	erhöht	Klebsiella pneumoniae possible RNA helicase (dead)	2x "DEAD"	692		
33	erhöht	Human mammaglobin Homolog	"Uteroglobulin"	517		
34	erhöht	Human DNA sequence from PAC 138A5 on chromosome X		322		
35	erhöht	Human DNA sequence from clone 230G1		1559		
36	erhöht	Human DNA sequence from clone 217C2		1072		
37	erhöht	Human Cosmid Clone 26a1	"RhoGAP"	454	22.q11.21-q11.23	D22S420-D22S446
38	erhöht	Homolog zu Human chromosome 3p21.1 gene sequence		700	3p21.1	
39	erhöht	Homo sapiens DNA from chromosome 19-cosmid f21246		914		
40	erhöht	H. sapiens mRNA for Ptg-1 protein		1669	17q21.31-q21.33	D17S791-D17S797
41	erhöht	H. sapiens CpG island DNA genomic Mse1 fragment		355		
42	erhöht	H. sapiens (TL5) mRNA from LNCaP cell line		2628	3q24	D3S3413
43	erhöht	Genomic sequence from Human 9q34		2535	9q34.11-q34.13	D9S179-D9S164
44	erhöht	Drosophila melanogaster misato gene	"MYB 3"	805	1q21.2	D1S305-D1S506
45	erhöht	Chicken mRNA for vitellogenin I		1279		
46	erhöht	Caenorhabditis elegans DNA from clone F31D4		1923		
47	erhöht	Caenorhabditis elegans cosmid ZK863		706		
48	erhöht	Caenorhabditis elegans cosmid ZK863		749		
49	erhöht	Caenorhabditis elegans cosmid ZK596		857	10q26.13	D10S212
50	erhöht	Caenorhabditis elegans cosmid T26A5		268		
51	erhöht	Caenorhabditis elegans cosmid T21G5		297		
52	erhöht	Caenorhabditis elegans cosmid F56D5		590		
53	erhöht	Caenorhabditis elegans cosmid F25D7		1714		
54	erhöht	Caenorhabditis elegans cosmid F08C6		1340		
55	erhöht	C. botulinum bont (partial) and ntth genes		765	3q24-q23	D3S3409

Sequenz ID No.:	Expression im Endometrium-Tumor:	Funktion	Module	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Cytogenetische Lokalisation	nächster Marker
56	erhöht	Bovine mRNA fragment for 49 kDa subunit of mitochondrial NADH:ubiquinone oxidoreductase (EC 1.6.5.3)	"complex1_4 9Kd"	1647		
57	erhöht	Bos taurus (clone pTKD7) dopamine and cyclic AMP-regulated neuronal phosphoprotein (DARPP-32)		1166		
58	erhöht	A. thaliana mRNA for RNA helicase		487		
59	erhöht	A. thaliana glycine-rich protein (clone atGRP-4)		1630	5q23.3-q31.1	D5S396-D5S2119
60	erhöht	Saccharomyces cerevisiae Grd19p (GRD19)	2x "PX"; "BEM_DOM AIN"	1272	6q21	AFMa191wd1
61	erhöht	Saccharomyces cerevisiae chromosome XII cosmid 9328	2x "DEAD"; "helicase_C"	1914	7p12.3-p13	D7S667-D7S2427
62	erhöht	S.pombe chromosome I cosmid c13D6		608		
63	erhöht	Rattus norvegicus RNA helicase with arginine-serine-rich domain		2674	17q21.31-q22	D17S797-D17S788
64		Rattus norvegicus matritysin (MMP-7) mRNA		326		
65		Rattus norvegicus Diphor-1	2x "PDZ"	888	1q12	D1S2669-D1S498
66		Human herpesvirus-7 (HHV7) J1, G protein-coupled receptor (GCR)		202		
67		Homolog zu Human synapsin I (SYN1)		1225	1p22.3-p31.1	WI-3099
68		Homolog zu Human PAX3 gene		1093		
69		Homolog zu Human multiple exostosis 2 (EXT2)		309	1p21.3-p22.1	D1S2166
70		Homolog zu Homo sapiens integrin variant beta4E (ITGB4)		380		
71		Homolog zu Homo sapiens hCPE-R mRNA for CPE-receptor		1253		
72		Homolog zu H.sapiens mRNA for deoxyguanosine kinase		439		
73		Caenorhabditis elegans cosmid Y48E1B		1252	4p11-q12	D4S1619-D4S1600
74		Caenorhabditis elegans cosmid T21D12	"WW DO-MAIN 2"	695		
75		Caenorhabditis elegans cosmid R107		2514	13q33.3-q34	D13S261-D13S293
76		Caenorhabditis elegans cosmid M04C9		274		
77		Bovine opsin	"7tm_1"	449		
78		unbekannt		346		
79		unbekannt		1329		
80		unbekannt		805		

Sequenz ID No.:	Expression im Endometrium-Tumor:	Funktion	Module	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Cytogenetische Lokalisation	nächster Marker
81		unbekannt		420		
82		unbekannt		2143	9q21.32-q22.1	D9S264-D9S257
83		unbekannt		450		
84		unbekannt		408	17q23.1-q23.2	D17S1680
85		unbekannt		311		
86		unbekannt		487		
87		unbekannt		1902	11p12-p13	WI-6150
88		unbekannt		1048	1q42.11-q43	WI-9317
89		unbekannt		804		
90		unbekannt		581		
91		unbekannt		2042		
92		unbekannt		430		
93		unbekannt		592		
94		unbekannt		674		
95		unbekannt		324		
96		unbekannt		709	5p15.33	D5S1954
97		unbekannt		562		
98		unbekannt		1948	16p13.2-p12.3	D16S499
99		unbekannt		483		
100		unbekannt		437		
101		unbekannt		359		
102		unbekannt		501		
103		unbekannt		1102	1q23.1-q23.2	D1S445-D1S431
104		unbekannt		306		
105		unbekannt		2042		
106		unbekannt		320		
107		unbekannt		506		
108		unbekannt		1276		
109		unbekannt		373		
110		unbekannt	TPR RE-PEAT	492		
111		unbekannt		1678	6q21	D6S278-D6S302
112		unbekannt		866	9q22.1-q22.2	D9S1841-D9S196
113		unbekannt		1434	18q12.1-q12.3	D18S1124-D18S468
114		unbekannt		914	7q32.3	D7S686-D7S530
115		unbekannt		685	8p12-p11.23	D8S1821-D8S255

Sequenz ID No.:	Expression im Endometrium-Tumor:	Funktion	Module	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Cytogenetische Lokalisation	nächster Marker
116		unbekannt		2646		
117		unbekannt		2667		
118		unbekannt		544		
119		unbekannt		1340	18p11.21	D18S471-D18S464
120		unbekannt		2376		
121		unbekannt		225		
122		unbekannt		1967	6q22.33-q23.1	D6S292-D6S1699
123		unbekannt		612		
124		unbekannt		1183	2q32.3-q34	D2S315-D2S2237
125		unbekannt		891	4q28.1-q31.1	
126		unbekannt		482		
127		Human triosephosphate isomerase mRNA		610		
128		Human ras inhibitor mRNA		2072	9q33.3-q34.11	
129		Human R kappa B		980		
130		Human putative interferon-related protein (SM15)		792		
131		Human protein trafficking protein (S31iii125)	2x "EMP24_ GP25L"	1092	14q32.2-14q32.33	WL-9179
132		Human protein kinase C-binding protein RACK7		1523	20q13.13-q13.2	D20S957
133		Human gene for histone H1(0)	"linker_ histone"	2241	22q13.1	
134		Human cathepsin B proteinase	"Cys- protease"	631		
135		Homo sapiens cathepsin B mRNA	"Cys- protease"	980		
136		unbekannt		2238	14q24.1-14q24.3	D14S277
137		H. sapiens XG mRNA		398		
138		H. sapiens mRNA for RAB7 protein	ras	1084	7q21.3-q22.1	D7S652
139		H. sapiens mRNA for pyrroline 5-carboxylate synthetase		1259		
140		H. sapiens mRNA for beta-1,4-galactosyltransferase		1938	1q22-q23.1	
141		H. sapiens IL-13Ra		1874	Xq23	
531		Verlängerung von Seq. ID No. 19	2x "CSD"	1708	1p13.3-1q11	D1S418-D1S252
532		Verlängerung von Seq. ID No. 23	2x "G-beta"	2128	1q23.3-q24.3	D1S242-D1S416
533		Verlängerung von Seq. ID No. 25		2640		
534		Verlängerung von Seq. ID No. 32	2x "DEAD"	1245		
535		Verlängerung von Seq. ID No. 34		822		

Sequenz ID No.:	Expression im Endometrium-Tumor:	Funktion	Module	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Cytogenetische Lokalisation	nächster Marker
536		Verlängerung von Seq. ID No. 43		2703	9q34.11-q34.13	D9S179-D9S164
537		Verlängerung von Seq. ID No. 44	"MYB_3"	2664	1q21.2	D1S305-D1S506
538		Verlängerung von Seq. ID No. 52		3888		
539		Verlängerung von Seq. ID No. 54		3304		
540		Verlängerung von Seq. ID No. 55		863	3q24-q23	D3S3409
541		Verlängerung von Seq. ID No. 59		1962	5q23.3-q31.1	D5S396-D5S2119
542		Verlängerung von Seq. ID No. 60	2x "PX"; "BEM_DOM AIN"	1772	6q21	AFMa191wd1
543		Verlängerung von Seq. ID No. 65	2x "PDZ"	1009	1q12	D1S2669-D1S498
544		Verlängerung von Seq. ID No. 69		2834	1p21.3-p22.1	D1S2166
545		Verlängerung von Seq. ID No. 82		2319	9q21.32-q22.1	D9S264-D9S257
546		Verlängerung von Seq. ID No. 84		2456	17q23.1-q23.2	D17S1680
547		Verlängerung von Seq. ID No. 87		2218	11p12-p13	WI-6150
548		Verlängerung von Seq. ID No. 88		2196	1q42.11-q43	WI-9317
549		Verlängerung von Seq. ID No. 93		701		
550		Verlängerung von Seq. ID No. 98		2214	16p13.2-p12.3	D16S499
551		Verlängerung von Seq. ID No. 108		1434		
552		Verlängerung von Seq. ID No. 111		2434	6q21	D6S278-D6S302
554		Verlängerung von Seq. ID No. 114		1457	7q32.3	D7S686-D7S530
555		Verlängerung von Seq. ID No. 126		741		

TABELLE II

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
1	142
	143
	144
2	145
	146
	147
3	148
	149
	150
4	151
	152
	153
5	154
	155
	156
6	157
	158
	159
7	160
	161
	162
8	163
	164
	165
9	166
	167
	168
10	169
	170
	171
11	172
	173
	174
12	175

DNA-Sequenz Seq. ID. No.	Protein-Sequenz (ORF's) Seq. ID. No.
12	176
	177
13	178
	179
	180
14	181
	182
	183
15	184
	185
	186
	187
16	188
	189
	190
17	191
	192
	193
18	194
	195
	196
19	197
	198
	199
20	200
	201
	202
21	203
	204
22	205
	206
	207
23	208
	209
	210
24	211



DNA-Sequence Seq. ID. No.	Partial-Sequence (ORF's) Seq. ID. No.
24	212
	213
25	214
	215
	216
26	217
	218
	219
27	220
	221
	222
28	223
	224
	225
29	226
	227
	228
30	229
	230
	231
31	232
	233
	234
32	235
	236
	237
33	238
	239
	240
34	241
	242
	243
35	244
	245
	246

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Protein-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
	247
36	248
	249
37	250
	251
	252
38	253
	254
	255
39	256
	257
	258
40	259
	260
	261
41	262
	263
	264
42	265
	266
	267
43	268
	269
	270
44	271
	272
	273
45	274
	275
	276
46	277
	278
	279
47	280
	281
	282

<b>DNA-S qu nzen S q. ID. No.</b>	<b>Peptid-S quenzen (ORF's) Seq. ID. No.</b>
	<b>283</b>
<b>48</b>	<b>284</b>
	<b>285</b>
<b>49</b>	<b>286</b>
	<b>287</b>
	<b>288</b>
<b>50</b>	<b>289</b>
	<b>290</b>
	<b>291</b>
	<b>292</b>
<b>51</b>	<b>293</b>
	<b>294</b>
	<b>295</b>
<b>52</b>	<b>296</b>
	<b>297</b>
	<b>298</b>
<b>53</b>	<b>299</b>
	<b>300</b>
	<b>301</b>
<b>54</b>	<b>302</b>
	<b>303</b>
	<b>304</b>
<b>55</b>	<b>305</b>
	<b>306</b>
	<b>307</b>
<b>56</b>	<b>308</b>
	<b>309</b>
	<b>310</b>
<b>57</b>	<b>311</b>
	<b>312</b>
	<b>313</b>
<b>58</b>	<b>314</b>
	<b>315</b>
	<b>316</b>
<b>59</b>	<b>317</b>
	<b>318</b>

<b>DNA-Sequenz n Seq. ID. No.</b>	<b>Peptid-Sequenzen (ORF's) S q. ID. No.</b>
	<b>319</b>
<b>60</b>	<b>320</b>
	<b>321</b>
	<b>322</b>
<b>61</b>	<b>323</b>
	<b>324</b>
	<b>325</b>
<b>62</b>	<b>326</b>
	<b>327</b>
	<b>328</b>
<b>63</b>	<b>329</b>
	<b>330</b>
	<b>331</b>
<b>64</b>	<b>332</b>
	<b>333</b>
	<b>334</b>
	<b>335</b>
<b>65</b>	<b>336</b>
	<b>337</b>
	<b>338</b>
<b>66</b>	<b>339</b>
	<b>340</b>
	<b>341</b>
<b>67</b>	<b>342</b>
	<b>343</b>
	<b>344</b>
<b>68</b>	<b>345</b>
	<b>346</b>
	<b>347</b>
<b>69</b>	<b>348</b>
	<b>349</b>
	<b>350</b>
<b>70</b>	<b>351</b>
	<b>352</b>
	<b>353</b>
<b>71</b>	<b>354</b>

DNA-Sequenz n S q. ID. No.	P ptid-Sequ nzen (ORF's) S q. ID. No.
	355
	356
72	357
	358
	359
	360
73	361
	362
	363
74	364
	365
	366
75	367
	368
	369
76	370
	371
	372
77	373
	374
	375
78	376
	377
	378
79	379
	380
	380
	381
80	382
	383
	384
81	385
	386
	387
82	388
	389

DNA-S qu n z n S q. ID. No.	P ptid-S qu n z n (ORF's) S q. ID. No.
	390
83	391
	392
	393
84	394
	395
85	396
	397
	398
86	399
	400
	401
	402
87	403
	404
	405
	406
88	407
	408
	409
89	410
	411
	412
90	413
	414
	415
91	416
	417
	418
92	419
	420
	421
	422
93	423
	424
	425

DNA-Sequence Sequence ID. No.	Protein-Sequence (ORF's) Sequence ID. No.
	426
94	427
	428
95	429
	430
	431
	432
96	433
	434
	435
97	436
	437
	438
98	439
	440
	441
99	442
	443
	444
100	445
	446
	447
101	448
	449
	450
102	451
	452
	453
103	454
	455
	456
104	457
	458
	459
	460
105	461

DNA-S quenz n S q. ID. No.	P ptid-S qu nzen (ORF's) S q. ID. No.
	462
	463
106	464
	465
107	466
	467
	468
	469
108	470
	471
	472
109	473
	474
	475
110	476
	477
	478
111	479
	480
	481
112	482
	483
	484
	485
113	486
	487
	488
114	489
	490
	491
115	492
	493
	494
	495
116	496
	497



<b>DNA-S qu n z n S q. ID. No.</b>	<b>Peptid-S quenzen (ORF's) Seq. ID. No.</b>
	498
117	499
	500
	501
118	502
	503
	504
119	505
	506
	507
120	508
	509
	510
121	511
	512
	513
122	514
	515
	516
123	517
	518
	519
124	520
	521
	522
125	523
	524
	525
126	526
	527
	528
531	561
	562
	563
532	564
	565

<b>DNA-Sequenzen S q. ID. No.</b>	<b>Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. N .</b>
	566
533	567
	568
	569
534	570
	571
	572
535	573
	574
	575
536	577
	578
537	579
	580
	581
538	582
	583
	584
539	585
	586
	587
540	588
	589
	590
541	591
	592
	593
542	594
	595
	596
543	597
	598
	599
544	600
	601
	602

<b>DNA-S qu n z n S q. ID. No.</b>	<b>P ptid-S qu n z n (ORF's) Seq. ID. No.</b>
545	603
	604
	605
546	606
	607
	608
547	609
	610
	611
548	612
	613
	614
549	615
	616
	617
550	618
	619
	620
551	621
	622
	623
552	624
	625
554	630
	631
	632
555	633
	634
	635

Die erfinderischen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141 der ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No. 142-528 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

5

### Sequenzprotokoll

#### (1) ALLGEMEINE INFORMATION:

##### 10 (i) ANMELDER:

(A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH

(B) STRASSE: Ihnestrasse 63

(C) STADT: Berlin

(E) LAND: Deutschland

15 (F) POST CODE (ZIP): D-14195

(G) TELEFON: (030)-8413 1673

(H) TELEFAX: (030)-8413 1674

20 (ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus  
Uterustumorgewebe

(iii) Anzahl der Sequenzen: 622

##### 25 (iv) COMPUTER READABLE FORM:

(A) MEDIUM TYPE: Floppy disk

(B) COMPUTER: IBM PC compatible

(C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS

(D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

30

#### (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: :

##### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1046 Basenpaare

35 (B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

##### (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:1

```

5   tcggaacgag ggatcactaa tcaacaaacc agctttcggg gtctgacgcg atccttgcc 60
    caggcctctc gaggtccaga cagccgccca gcccgctctg cgacgcagca gtgaatagt 120
    tggtagctcc ttgtctcggt tcagggtccag acctccccgt cttccggctg ccctgaacgt 180
    caggcgacct caggaccctg tgattggcgc ctgcccgggc ggaccgtgac cgaggaaacc 240
    cctggaggga cttgggcatt ccttgggctc cgtgcctgtt cttcgtgctc ctttcggggc 300
    aaggatctca cattatcagt ctttgaccga cacagaatgc ctggcatttg ataaatgttt 360
10  gttgaacttg aagagacata tggacaatga atctgcaaag atactgggga gagataccaa 420
    tatcatcaag ccagaccaac agaagttcct tcgatttgct cccacgggag ttccgtctgg 480
    tggaagtcca tgaccacccc ctgcaccaac cctcagccaa caagccgaag cccccacta 540
    tgctggacat cccctcagag ccatgtagtc tcaccatcca tacgattcag ttgattcagc 600
    acaaccgacg tcttcgcaac cttattgcca cagctcaggc ccagaatcag cagcagacag 660
15  aaggtgtaaa aactgaagag agtgaacctc ttccctcgtg ccctgggtca cctcctctcc 720
    ctgatgacct cctgccttta gattgtaaga atcccaatgc accattccag atccggcaca 780
    gtgaccacga gagtgaactt tatcgtggga aaggggaacc tgtgactgaa ctgagctggc 840
    actcctgtcg gcagctcctc taccaaggca gtggcacaaa tcctggccaa cggcgggctt 900
    ttgactgtgc taatgagagt gtccctggaag accctaactt gatgttgga catgagtatt 960
20  ggccttaaa tttaccaaag tttgctgcgt ttttgcgtgt gagcgggaag cccgggtggg 1020
    agagacttcc ttttgccgaa tgtgat                                     1046

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

## 25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 373 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:2

```

    cgaaggcaga gttcaacagg gatcttttgt aaatgttcaa caagggccac aggagccatt 60
    tattgaatth atccatcagt taaccacaggc aattaagagc acacatggaa catcgaccat 120
    tccacgggta tctcgtataa ccctcaagga caagccatag tggaacgttg cccattccac 180
50  gcttaaaaaat atgcttttaa aaaaggggga atatgaataa ggaccctaca acactactag 240
    cacaagtgtt attcaccctt aatttcttaa atttagataa ttaaatttcc aatcagccct 300
    agaaaagcac ttttgcttaa aacctcccca ggtagcaagg ctttcagtgt tttgggaagg 360
    tgtaaatagt atc                                     373

```

## 55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1571 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3

```

25 ctgctctggc aaccaataga agctaggaga gggcggggac aactgggtct tttgcggctg 60
   cagcgggctt gtaggtgtcc ggctttgctg gccagcaag cctgataagc atgaagctct 120
   tatctttggt ggctgtggtc ggggtgttgc tgggtccccc agctgaagcc aacaagagtt 180
   ctgaagatgc ccggtgcaaa tgcatctgtc caccttatag aaacatcagt gggcacattt 240
   acaaccagaa tgtatcccag aaggactgca actgcctgca cgtggtggag cccatgccag 300
   tgcttgccca tgacgtggag gcctactgcc tgctgtgcca gtgcaggtag gaggagcgca 360
30 gaccaccacc atcaaggtca tcattgtcat ctacctgtcc gtggtgggtg ccctgttgct 420
   ctacatggcc ttccctgatgc tggtggaacc tctgatccga aagccgatg catacactga 480
   gcaactgcac aatgaggagg agaagagga tgctcgtct atggcagcag ctgctgcac 540
   cctcggggga ccccgagcaa acacagtcct ggagcgtgtg gaagtgccc agcagcgggtg 600
   gtagctgcag gtgcaggagc agcgggaagc agtcttcgat cggcacaaga tgctcagcta 660
35 gatgggctgg tgtggttggg tcaaggcccc aacaccatgg ctgccagctt ccaggctgga 720
   caaagcaggg ggctacttct cccttccctc ggttccagtc ttccctttaa aagcctgtgg 780
   catttttctt ccttctccct aactttagaa atgtgtgact tggctatatt gattagggaa 840
   gagggatgtg gtctctgatc tccgttgtct tcttgggtct ttgggggtga agggaggggg 900
   aaggcaggcc agaagggaat ggagacattc gaggcggcct caggagtgga tgcgatctgt 960
40 ctctcctggc tccactcttg ccgccttcca gctctgagtc ttgggaatgt tgttaccctt1020
   ggaagataaa gctgggtctt caggaaactca gtgtctggga ggaaagcatg gccagcatt1080
   cagcatgtgt tcctttctgc agtggttctt tatcaccacc tccctcccag cccagcgcc1140
   tcagccccag ccccgctcc agccctgagg acagctctga tgggagagct gggccccctg1200
   agcccactgg gtcttcaggg tgactggaa gctgtgttc gctgtcccct gtgcacttct1260
45 cgcactgggg catggagtgc ccatgcatac tctgtgccc gtcccctcac ctgcacttga1320
   ggggtctggg cagtccctcc tctccccagt gtccacagtc actgagccag acggtcgggt1380
   ggaacatgag actcgaggct gagcgtggat ctgaacacca cagcccctgt acttgggttg1440
   cctcttgtcc ctgaacttcg ttgtaccagt gcatggagag aaaattttgt cctcttgtct1500
   tagagtgtgt tgtaaatcaa ggaagccatc attaaattgt tttatttctc tccaaaaaaa1560
50 aaaaaaaaaa a 1571

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1789 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4

```
20 agaccatgct ggaaaaaatt ccaaaggaag agcaagaaga gacgtctgca attcgagtgg 60
gttttatcac atataacaaa gttctccatt tctttaatgt gaagagtaat ctggcccagc 120
ctcagatgat ggggtgact gatgttgag aagtcttgt tcctttgttg gatggtttcc 180
ttgtcaacta tcaagaatcc caatctgtga ttcataattt gttggaccag attccagaca 240
tgtttgcaga ctctaataa aatgagactg tctttgctcc tgatcatccag gctggcatgg 300
25 aagcactaaa ggcagcagac tgtcctggga agctgttcat cttccattct tccttgccaa 360
ctgctgaagc accagggaag ctcaaaaaca gagatgacaa aaaactgggt aatacagaca 420
aagagaagat acttttccag ccccaacaa atgtctatga ctcatggcc aaggactgcg 480
tggtcacccg gctgctctgt gacactcttc ctcttctcta gtcagtatgt ggacgtggcc 540
tcgctggggc tggttcctca gctcactgga ggaacccttt acaaatataa caatttccag 600
30 atgcacttgg atagacaaca atttttgaac gacctcagaa atgatattga aaagaaaata 660
ggctttgatg ctattatgag ggttcgtacc agcacagggt tcagagccac tgatttcttt 720
ggtggaatct tgatgaacaa caccaccgat gtagaaatgg ctgccatcga ttgtgacaag 780
gcagtgaaccg tggagttaa gcacgatgac aaactcagt aagacagtgg agccttaatc 840
cagtgtgctg tgctttacac gacaatcagt ggtcaaagaa gacttcggat tcacaatctt 900
35 ggcttaaac gcagctctca gctagctgat ctttataaga gctgtgagac agatgctctt 960
atcaacttct ttgccaaagtc agctttttaa gcagttctcc accagccttt gaaggatcatc1020
cgggaaattc tagttaatca gactgcccac atgttggcat gttaccgga gaattgtgca1080
agtcctctcg cagcaagcca gcttattcta ccagattcca tgaaagtatt gccagtgtac1140
atgaattgct tggtaaaaa ctgtgtacta ctcagcagac cagagatctc aactgatgaal1200
40 cgagcatacc agagacagct ggtcatgacc atgggtgtgg ctgactctca gcttttcttc1260
taccacaac ttctgcccac acacacgta gatgtcaaga gtacaatgtt acctgctgcc1320
gttcgttgct ctgagtcctg tctttcagaa gaaggaatat tcttactggc taatgggtcta1380
cacatgttcc tgtggttggg agtaagcagc ccaccagaac tgatccaagg aatatttaatl1440
gtgccatctt ttgcacatat caacacagat atgacattgc tgctgaagt gggaaaccca1500
45 tactctcaac aactcagaat gataatgggt attatccaac aaaagaggcc atattcaatg1560
aagctcacia ttgtaaagca gcgagaacaa ccagaaatgg ttttccgaca gttcctggta1620
gaagacaaaag gactttacgg aggtctctct tatgtggatt tcctttgttg tgttcacaag1680
gagatctgtc agctgcttaa ttaattggaa actccccggg caatggaggt tgcgttgcca1740
gggggggaaa agcccctttt tggggcccaa atttgccagg gggaaaaag 1789
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 2361 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

15

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 5

```

20  gggccagccg gctcgcccg gggccatggc agcagcggt actgcagccg aggggggtccc 60
    cagtcggggg cctcccgggg aagtcattcca tctgaatgtg ggaggcaaga gattcagtac 120
    ctctcgccag actctcacct ggatcccaga ctcttcttcc tccagtcttc tgagcggacg 180
    catctcgacg ctgaaagatg agaccggagc aatcttcacg gacagggacc ctacagtctt 240
    cgccccatc ctcaacttcc tgcgcaccaa agagtggat cccaggggtg tccacgggtc 300
    cagcctcctc catgaagccc agttctatgg gctcactcct ctggttcgtc gcctgcagct 360
25  tcgagaggag ttggatcgat cttcttgtgg aaacgtcctc ttcaatggtt acctgccgcc 420
    accagtgttc ccagtgaagc ggcggaaccg gcacagccta gtggggcctc agcagctagg 480
    aggacggcca gcccctgtcc gacggagcaa cagcatgccc cccaaccttg gcaatgcagg 540
    gctgctgggc cgaatgctgg atgagaaaac ccctccctca ccctcaggac aacctgagga 600
    gccggggatg gtgcgcctgg tgtgtggaca ccataattgg atcgctgtgg cctataccca 660
30  gtttctagtc tgctacaggt tgaaggaaag ctctggcggg cagctggtgt tttccagccc 720
    ccgcctggac tggcccatgc gaacgactgg cgcttcacag cccgggtgca tgggtggggt 780
    ttgggtgaac atgacaagat ggtggcagca gccaccggca gcgagatcct gctatggggt 840
    ctgcaggcgg aaggcgggtg ctccgagata ggggtcttcc atctgggggt gcctgtggag 900
    gccttgttct tcgtcgggaa ccagtcattt gctacaagcc acacaggcgc catcggggtg 960
35  ttggaatgcc tcaccaagca ctggcaggtc caggaggtgc agcccatcac cagttatgac1020
    gcggcaggct ccttcctcct cctgggctgc aacaacggct ccatttacta cgtggatgtg1080
    cagaagtccc ccttgccgat gaaagacaac gacctccttg tcagcgagct ctatcgggac1140
    ccagcggagg atggggtcac cgccctcagt gtctacctca cccccaagac cagtgcaggt1200
    gggaactgga tcgagatcgc ctatggcacc agctcagggg gcgtgcgggt catcgtgcag1260
40  caccgggaga ctgtgggctc ggggcctcag ctcttccaga ccttcaactgt gcaccgcagc1320
    cctgtcacca agatcatgct gtcggagaag cacctcatct cagtctgtgc cgacaacaac1380
    cagtgccgga catggctgtg gactcgcttc cgcgcatga tttccacca gcccggtccc1440
    accccactcg ctctctttaa gatcctggct ctggagtcgg cagatgggca tggcggtgc1500
    agtgctggca atgacattgg ccctacgggt gagcgggacg accagcaagt gttcatccag1560
45  aagggtggtg ccagtgccag ccagctcttc gtgcgtctct catctactgg gcagcgggtg1620
    tgctccgtgc gctccgtgga cggtcaccc acgacagcct tcacagtgtc ggagtgcag1680
    ggctcccggc ggctcggttc tcggccccgg cgctacctgc tcaactggcca ggccaacggc1740
    agcttggcca tgtgggacct aaccaccgac atggacggcc tcggccaggc ccttcagagt1800
    ggctgacagg agcaagagct gatggaacag ctggaacct gtgagctggc cccgcgggtc1860
50  ccttcagctc cctcatgggg ctgtctcccc agcccctcac cccgcatctc cctcaccagc1920
    ctccactcag cctccagcaa cacctccttg tctggccacc gtgggagccc aagcccccg1980
    caggctgagg cccggcgccg tgggtggggc agctttgtgg aacgctgcca ggaactggtg2040
    cggagtgggc cagacctccg acggccaccc acaccagccc cgtggccctc cagcgggtctc2100
    ggcaactccc tcacacctcc caagatgaag ctcaatgaaa cttccttttg aacaacgcag2160
55  ctgccatgat gccttgggat gccctggtcc tgggggactc aggtgcctcc ctgattcctg2220
    tgggaacccc ggggtcaggg ccagggcctc cttggaataa atggttattg ttactaggtc2280
    cccaccttcc ctctttctg gaagccaaag tcaccctccc caataaagtc ctactgcca2340
    aaaaaaaaaa aaaaaaaccc g                                     2361
```



## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 6:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 5 (A) LÄNGE: 1638 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:
- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 6

25 ggctgcggat ttcgccgga atccccggaag tgacagcttt ggggggtttgc tgctggctct 60  
gactcccgtc ctgcgatggg ttgcgacggg ggaacaatcc ccaagaggca tgaactggtg 120  
aagggggccga agaaggttga gaaggtcgac aaagatgctg aattagtggc ccaatggaac 180  
tattgtactc taagtcagga aatattaaga cgaccaatag ttgcctgtga acttggcaga 240  
30 ctttataaca aagatgccgt cattgaattt ctcttgga aatctgcaga aaaggctctt 300  
gggaaggcag catctcacat taaaagcatt aagaatgtga cagagctgaa gctttctgat 360  
aatcctgcct gggaagggga taaaggaaac actaaagggtg acaagcacga tgacctccag 420  
cgggcgcgtt tcactctgcc cgttgtgggc ctggagatga acggccgaca caggttctgc 480  
ttccttcggt gctgcggctg tgtgttttct gagcgagcct tgaaagagat aaaagcggaa 540  
35 gtttgccaca cgtgtggggc tgccttccag gaggatgatg tcactctgct caatggcacc 600  
aaggaggatg tggacgtgct gaagacaagg atggaggaga gaaggctgag agcgaattgg 660  
aaaagaaaac aaagaaaacc aaggcagcag agtctgtttc aaaaccagat gtcagtgaag 720  
aagccccagg gccatcaaaa gttaagacag ggaagcctga agaagccagc cttgattcta 780  
gagagaagaa aaccaacttg gctcccaaaa gcacagcaat gaatgagagc tcttctggaa 840  
40 aagctgggaa gcctccgtgt ggagccacaa agaggtccat cgctgacagt gaagaatcgg 900  
aggcctacaa gtccctcttt accactcaca gctccgcaa gcgctccaag gaggagtctg 960  
cccactgggt caccacacag tcctactgct tctgaagccc gcaactgccac cgctcctgcc1020  
ccagaagggt gtttagtttc cacgtaggca ggtcgctttg tgcctctgag tgcgtgctg1080  
tgtgttctct ctatagttct gtgtcataaa gctgtcctgg ccagccttca agctgggtgtg1140  
45 gccactcttg atgtgaggcg tgtcggttcc aggggggaca tgggaggggc tgcacagtgg1200  
cccagggtca tgcttgcttc cacctgcagg tgcatttggc cctttccatg gccaggaagc1260  
cctgtgggct gcacttttta tgcttgagcgt aacaagagac tccagagtcc tcaccggtgc1320  
agagtggca catattaatt aactaaaatt ctaatgatct tgctaccagc aataaatcaal380  
gtaggccaag tgaaactggg ctttaaaaag gatggatttc aaatacactg tgcccactag1440  
50 aagcttcgaa gggcctcgct cctctgtctac agccctggga ggagccagga tccttgttgg1500  
ttagctaaa tactgttagg ggagtgtgcc ccactctatc atttgaaga tagcagagtc1560  
atagtgggc acccggtgat tgggttcaaa aataaagctg gtctgcctct tcaaaaaaaaa1620  
aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1638

55

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 1034 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 7

```

cgccctgcgcg ctgagtgcgt gccgctccgc cgaccgaaga ggctggacat gacaccagtg 60
gcatatcacg gccatggggg ctcagcattc cgctgctgct cgcccctcct cctgcaggcg 120
aaagcaagaa gatgacaggg acggtttgct ggctgaacga gagcaggaag aagccattgc 180
tcagtttcca tatgtggaat tcaccgggag agatagcatc acctgtctca cgtgccaggg 240
gacaggctac attccaacag agcaagtaaa tgagttggtg gctttgatcc cacacagtga 300
tcagagattg cgccctcagc gaactaagca atatgtcctc ctgtccatcc tgctttgtct 360
cctggcatct ggtttggtgg tttcttctc gtttccgat tcagtccttg tggatgatga 420
cggcatcaaa gtggtgaaag tcacatttaa taagcaagac tcccttgtaa ttctcaccat 480
catggccacc ctgaaaatca ggaactccaa cttctacacg gtggcagtga ccagcctgtc 540
cagccagatt cagtacatga acacagtggg gaattttacc gggaaggccg agatgggagg 600
accgttttcc tatgtgtact tcttctgcac ggtacctgag atcctggtgc acaacatagt 660
gatcttcatg cgaacttcag tgaagatttc atacattggc ctcattgacc agagctcctt 720
ggagacacat cactatgtgg attgtggagg aaattccaca gctatttaac aactgctatt 780
ggttcttcca cacagcgcct gtagaagaga gcacagcata tgttcccaag gcctgagttc 840
tgggacctac cccacgtgg gtgttaaggc agagggaagg aattggttca ctttaacttc 900
ccaggcaaac attcctcctg gccacttagg gagggaaaca cttccctat gggttaccat 960
40 ttgttggttg ttcaggaacc agcggtattc agttgcctag gcgtgttgcc ccagcaatta 1020
gtttgggcat tgca                                     1034

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 947 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 8

cgaggccctg gcatgtgcaa agagtactga gtgggattcc cagcaggata ccatcaagta 60  
15 ctacaccatg cacctgacca cattgtgcaa cacgtgattg gacaacccaa cccagagaaa120  
caaggatcag ctgatccggg cagccgtgaa gtttctggac accgacacca tctgctacag180  
ggtggaggag cccgagacat tagtggaact tcaaaggaat gagtgggatc caatcatcga240  
atgggctgag aaaagatacg gcgtggagat cagctcctcc accagcataa tgggaccag300  
catccttgcc aaaactcggg aggtgctcgt cagccacctg gcatcttaca acacatgggc360  
20 tttaaaaggg attgagtttg tagctgcca gctcaagtcc atgggtgctaa ccttgggcct420  
gattgacctg cgctgacag tggagcaggc cgtgctgctg tcacgcctgg aggaggagta480  
ccagatccag aagtggggca acattgagtg ggcccatgac tatgagctgc aggagctgcg540  
ggcccgacac gccgcggca ccctcttcat ccatctctgc tccgagagca ccacagtcaa600  
gcacaagctc ctgaaggagt gaggcctggg cagagcacac tcagcaggat agaggcagt660  
25 cagccacagc tcccccgcc ttcagggtc cccagcctgt ggggctggct tccttggctt720  
ttggggactc ggctcagcg tcaccctgag attccccccg agacacagtg cgctagtacg780  
gctgtccgga ggtcagcctg atttcaacct aggtgcccct ggcttgcca gcagtgaatg840  
taggatga attgtgcaag tgactttctc tcgactctga ttttattaaa tatttctcca900  
ccctgaaaa aaaaaaaaa aaaaaaaaa aaaaaaaaa aaaaaaa 947  
30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 9:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
35 (A) LÄNGE: 497 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9

```

ctcgtggcga gagactgaga taaaagagca actcactgaa cacctttgta cgatcataca 60
gcaaaatgag ctccgaaagg ccaagaagtt ggaggagttag atgcaacaac tagatgtaga120
agccgatgaa gagacttttg agcttgaggt ggaggtcgag agattgctac acgaacaaga180
5 agtagaatca aggagaccag tgggtcgttt agagaggcca tttagcctg cgaggagag240
tgtgacatta gaatttgcta aagagaacag aaagtgtcaa gaacaagctg tttcccaaa300
ggtagatgac cagtgtggaa attccagtag catccccttt cttagtccaa actgccc360
tcaagaaggt aatgacattt cagctgcttt ggccacatga agttctggta ttcttttgag420
ctaataatggt attgagtaaa gtatactttt tgcagtagat catgccctga cctccaataa480
10 aaacctcttt aaaacaa 497

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10:

- 15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 269 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:
- 30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 10

```

cggggagagg tgggctgggc tgcaggctct ggcgttgtgc tggatcatcg cgcccgact 60
ctgaagtttt ctccgtggcg ctcccttgaga ggggttcctc ctgcatcttg agaataattt120
gcatttcggc tcccttctct tctcgtgccc atcggatgcc ccaaataggt cctgtcccct180
40 cggtgaatca gacttcggaa accgcctcgc ttcagggtca gagtccaagt acagatgagc240
ttgagaggga ttctgaaatg caacggccc 269

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 11:

- 45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 1717 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 11

```

15 attctaggac caacactcct gtggagacgt ggaaagggttc caaaggcaaa cagtcctata 60
   cctacatcat tgaggagaac actaccacga gcttcacctg ggccctccag aggaccactt 120
   ttcattgaggc aagcaggaag tacaccaatg acgttgccaa gatctactcc atcaatgtca 180
   ccaatgttat gaatggcgtg gcctcctact gccgtcccctg tgccctagaa gcctctgatg 240
   tgggctcctc ctgcacctct gtgcctgctg gttactatat tgaccgagat tcaggaacct 300
   gccactcctg cccccctaac acaattctga aagcccacca gccttatggt gtccaggcct 360
20 gtgtgccctg tgggccaggg accaagaaca acaagatcca ctctctgtgc tacaatgatt 420
   gcaccttctc acgcaacact ccaaccagga ctttcaacta caacttctcc gctttggcaa 480
   acaccgtcac tcttgctgga gggccaagct tcacttccaa aggggtgaaa tacttccatc 540
   actttaccct cagtctctgt ggaaaccagg gtaggaaaat gtctgtgtgc accgacaatg 600
   tcactgacct ccgattcct gagggtgagt cagggttctc caaatctatc acagcctacg 660
25 tctgccaggc agtcatcatc cccccagagg tgacaggcta caaggccggg gtttcctcac 720
   agcctgtcag ccttgctgat cgacttattg gggtgacaac agatatgact ctggatggaa 780
   tcacctcccc agctgaactt ttccacctgg agtccctggg aataccggac gtgatcttct 840
   tttataggtc caatgatgtg acccagtcct gcagttctgg gagatcaacc accatccgcg 900
   tcagggtcag tccacagaaa actgtcccctg gaagtttctg gctgccagga acgtgctcag 960
30 atgggacctg tgatggctgc aacttccact tctgtggga gagcgcggtc gcttgcccgc 1020
   tctgctcagt ggctgactac catgctatcg tcagcagctg tgtggctggg atccagaaga 1080
   ctacttacgt gtggcgagaa cccaagctat gctctggtgg catttctctg cctgagcaga 1140
   gagtcaacct ctgcaaaacc atagatttct ggtgaaagt gggcatctct gcaggcacct 1200
   gtactgccat cctgctcacc gtcttgacct gctacttttg gaaaaagaat caaaaactag 1260
35 agtacaagta ctccaagctg gtgatgaatg ctactctcaa ggactgtgac ctgccagcag 1320
   ctgacagctg cgccatcatg gaaggcgagg atgtagagga cgacctcatc tttaccagca 1380
   agaagtcaat ctttggaag atcaaatcat ttacctcaa gaggactcct gatggatttg 1440
   actcagtgcc gctgaagaca tcctcaggag gccagacat ggacctgtga gaggcactgc 1500
   ctgcctcacc tgcctcctca ccttgcatag cacccttgca agcctgcggc gatgtgggtg 1560
40 ccagcatcct gcaacacca ctgctggaat tctcttcatt gtggccttat cagatgtttg 1620
   aatttcagat ctttttttat agagtacca aacctcctt tctgcttgcc tcaaacctgc 1680
   caaatatacc cacactttgt ttgtaaatta aaaaaaa 1717

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 1419 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

55 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:12

```

ggcagaggta ttacctgaaa acttaaaaga aggcctgaag gaatcttcct ggagttcatt 60
accatgtact aaaaacagac cttttgattt tcattcagtg atggaagagt ctcagtctct 120
caatgaacct agcccaaagc agagtgaaga aataccagag gtcacttcag agcctgtcaa 180
15 aggaagctta aaccgtgctc agtcagcaca gtctataaat tcaacagaaa tgcctgccag 240
agaggactgt ttgaaaaaag agtgccctca gaacctgttc tgtcagttca agaaaaaggt 300
gttctgtctga aaagaaagtt gtctctttta gaacaggatg tgattgtaaa tgaagatgga 360
agaaataagc tgaaaaaaca aggagaaact cccaatgaag tctgtatgtt ttccttagct 420
tatgggtgata ttccagaaga attaatcgat gtctcagatt tgcagtgttc tctctgcatg 480
20 aggttggttt ttgagccagt aacaaccctc tgcggacatt cgttctgtaa gaattgtctt 540
gagcgttggt tagatcatgc accatattgt cctctttgca aagaaagctt aaaagagtat 600
ctagcagata ggaggctactg tgtcacacag ctgttggaag gaattaatag tgaagtatct 660
gcctgatgaa ctgtctgaga gaaaaaaaaat atatgatgaa gaaactgctg aactctcaca 720
cttgaccaag aatgttccaa tatttggttg cactatggcc taccctactg tgccttgccc 780
25 tctccatgta tttagccaa gatacagatt gatgattcga agaagtatac agactggaac 840
caaacagttt ggcattgtgtg tcagtatac acaaaatagt tttgcagatt atggttggtat 900
gttacaaatt agaaacgtgc atttcttacc ggacggaagg tctgtggttg atacagttgg 960
aggaaagcgg tttagggttt taaaaagagg aatgaaagat ggatattgca ctgccgacat1020
tgaatatctg gaagatgtta aggttgagaa tgaagatgag attaagaatc tcagagagct1080
30 tcatgatttg gtttactctc aagcctgcag ctggtttcag aatttaagag acagatttcg1140
aagccaaatt cttcagcatt tcggatcaat gcccgagagg agggaaaacc ttcaggcagc1200
ccctaattga cctgcatggt gttggtggct tcttgagtt ctcctgtag acccagata1260
ccagctgtcg gttttgtcaa tgaagtcttt gaaagaacgg ttgaccaaga tacagcatat1320
actgacctat ttttctagag accaattcta agtaactaac tctttgggat cttccctttg1380
35 aaagttgacc cctaattctt gggctgccat ttggttggg 1419
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

40 (A) LÄNGE: 671 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

55

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13

5  
agcgcggtga agcgggggtg ggatctgaac atggcggcgg tggtagctgc tacggcgctg 60  
aagggccggg gggcgagaaa tgcccgcgtc ctccggggga ttctcgcagg agccacagct120  
aacaaggctt ctcataacag gacccgggcc ctgcaaagcc acagctcccc agagggcaag180  
gaggaaacctg aaccctatc cccggagctg gaatacattc ccagaaagag gggcaagaac240  
10 cccatgaaag ctgtgggact ggccctgggc atcggcttcc ctgtgtgtat cctcctcttc300  
atcctcacca agcgggaagt ggacaaggac cgtgtgaagc agatgaaggc tcggcagaac360  
atgcggttgt ccaacacggg cgagtatgag agccagaggt tcaggggcttc ctcccagagt420  
gccccgtccc ctgatgttg gtctgggggtg cagacctgag gagcgctgcg accctcctag480  
gctattgact gttaagtcct caggtttggc ccagattcca gtctgtgct ctgaggtcca540  
15 ccagagggcg catgaagccc aggctgttgc caaacctac cctgccccac accaaggagc600  
ccaccaagg caaataaagt tattgagtgt ttagtagaaa ggaaaaaaaa aaaaaaaaaa660  
aaaagtcgac c 671

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 14:

20  
(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 524 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
35 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40  
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:14

aagtgttctc agatgctgat gtttgaagg tcccgtggg gccatgagga agaagaggag 60  
ctgaaggtaa gagactcata aacaagatga ctctttgatg catgaacaag atttgaaaat120  
45 ctcaagcctg taaagaatac cctgtctatt taaataaagc tcataccaag aggtaacatt180  
ttgcccggg ccaaattcag ggtctagtg ccctgcattc ctttgaggca aaaaataaat240  
gggctatgac tggttaaatg tccaaaaggt gaattctcat ttcatcaca caaagacaga300  
tttgcgcat cactcaagca gaatgtggcc atgaatatc agcccctgca tacatacaaa360  
gatgtacgca tgattcccc caccaagcac acacacagtc acacacgcac acacacacac420  
50 atgcacacac gcgcgtgcac acacggacac atgcacacac acacgcacac gtaaacacat480  
gcacacatgc acacacgtgc acacatgcac acacggacac actt 524

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

- 5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 345 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- 10 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 15

25 aaactttctt tctacaaaa atcaaaagct tagctgatag atcatgaaaa tagattatga 60  
acagtgaaat tcctgagaag gctgaaagt cggggaacca aagcagggga gattagcctt120  
agtccggagg agggagaagc agatggaagt cagcagcctg ccttgttttt acgtgtaata180  
tttaaatttg caaattgtat tacaggagg cctactttct gtttttatca agagtttttc240  
ttttgttcaa agacactggt tatgggaata ttttgaaagg gtaagaaacg ctggtataaa300  
aagggtgttc agattaattt tgaaggctct tacggaacca gtccc 345

- 30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:
- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 1060 Basenpaare  
35 (B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
40 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:
- 50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library



## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16

```

5  ggcgggtccca ggcaggccca gaagctgggc agcctctgcc gggttccggg aaaaggagct 60
   cctgctgcca ctgctcttcc ggagcctgca gcatggggcc cctgccgcgc accgtggagc 120
   tcttctatga cgtgctgtcc ccctactcct ggctgggctt cgagatcctg tgccgggtatc 180
   agaatatctg gaacatcaac ctgcagttgc ggcccagcct cataacaggg atcatgaaag 240
   acagtggaaa caagcctcca ggtctgtctc cccgcaaagg actatacatg gcaaatgact 300
   taaagctcct gagacaccat ctccagattc ccatccactt cccaaggat ttcttgtctg 360
   tgatgcttga aaaaggaagt ttgtctgcca tgcgtttcct caccgccgtg aacttggagc 420
10  atccagagat gctggagaaa gcgtcccggg agctgtggat gcgctctg tcaaggaatg 480
   aagacatcac cgagccgcag agcatcctgg cggctgcaga gaaggctggt atgtctgcag 540
   aacaagccca gggacttctg gaaaagatcg caacgccaaa ggtgaagaac cagctcaagg 600
   agaccactga ggagcctgc agatacggag cctttgggct gccatcacc gtggcccatg 660
   tggatggcca aaccacatg ttatttggtc ctgaccgat ggagctgctg gcgcacctgc 720
15  tgggagagaa gtggatgggc cctatactc cagccgtgaa tgccagactt taagattgcc 780
   cggaggaagc aaactcttcg tataaaaaaa gcaggccatc tgcttaacct ttggctccac 840
   cataaggcac tgggactcgg atttctctat ctgatagagg tattttctgt ggccctggga 900
   gctgtctgtc tttccctac cccaaggat gccaggaaga cgtccaccat tagccatgtg 960
   gcaaccttta cttctatgcc tcacaagtgc ctttcagaga gcccgaattc tgctttccca 1020
20  caaataaac ctaatgccat caggcaaaaa aaaaaaaaaa 1060

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 17:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 25 (A) LÄNGE: 1721 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:
- 40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 17

```

45  ctctctctct ttctgtctct tctcgtctcc ctctctttct ctctcctc tgccttccca 60
   gtgcataaag tctctgtcgc tcccggaact tgttggaat gcctattttt tggctttccc 120
   ccgcgttctc taaactaact atttaaaggc ctgcggctgc aaatggtttg actaaacgta 180
   ggatgggact taagttgaac ggcagatata ttctactgat cctcgcgggtg caaatagcgt 240
50  atctggtgca ggccgtgaga gcagcgggca agtgcgatgc ggtcttcaag ggcttttcgg 300
   actgtttgct caagctgggc gacacatggc caactacccg caggcctgga cgacaagacg 360
   aacatcaaga ccgtgtgcac atactgggag gatttccaca gctgcacggt cacagccctt 420
   acggattgcc aggaaggggc gaaagatatg tgggataaac tgagaaaaga atccaaaaac 480
   ctcaacatcc aaggcagctt attcgaactc tgcggcagcg gcaacggggc ggccgggtcc 540
55  ctgctcccgg cgttcccggg gctcctgggt tctctctcgg cagcttttagc gacctggctt 600
   tccttctgag cgtggggcca gctccccccg cgcgcccacc cacactcact ccatgctccc 660

```

```

ggaaatcgag aggaagatcc attagtctct tggggacggt gtgattctct gtgatgctga 720
aaacactcat ataggattgt gggaaatcct gattctcttt tttatttcgt ttgatttctt 780
gtgttttatt tgccaaatgt taccaatcag tgagcaagca agcacagcca aaatcggacc 840
tcagctttag tccgtcttca cacacaaata agaaaacggc aaacccaccc cattttttaa 900
5 ttttattatt ataatTTTT tttgttggca aaagaatctc aggaacggcc ctgggccacc 960
tactatatta atcatgctag taacatgaaa aatgatgggc tcctcctaag aggaaggcga1020
ggagaggaga aggccagggg aatgaattca agagagatgt ccacggacga aacatacgg1080
gaataattca cgctcacgtc gttcttcac agtatcttgt tttgatcatt tccactgcac1140
atctctctc aagaaaagcg aaaggacaga ctgttggctt tgtgtttgga ggataggagg1200
10 gagagaggga aggggctgag gaaatctctg gggtaagagt aaaggcttcc agaagacatg1260
ctgctatggt cactgagggg ttagctttat ctgctgttgt tgatgcatcc gtccaagttc1320
actgccttta tttccctcc tccctcttgt tttagctgtt acacacacag taatacctga1380
atatccaacg gtatagatca caaggggggg atgttaaatg ttaatctaaa atatagctaa1440
aaaaagattt tgacataaaa gagccttgat tttaaaaaaa aaagagagag agatgtaatt1500
15 taaaaagttt attataaatt aaattcagca aaaaaagatt tgctacaaag tatagagaag1560
tataaaataa aagttattgt ttgaaaaaaa agtgtcgtt gtttcctacc ccaacctgct1620
ttcttgacct agttctcagg gaacctgaag ggacacagga tgccggtgat aagctcacct1680
cttcaggaag ccgcttcaag cagacctgcc accttcaagc a 1721

```

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 2367 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 40 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18

```

accctgtggt cccgggtttc tgcagagtct acttcagaag cggaggcact gggagtccgg 60
45 tttgggattg ccaggctgtg gttgtgagtc tgagcttgtg agcggctgtg gcgccccaac 120
tcttcgccag catatcatcc cggcaggcga taaactacat tcagttgagt ctgcaagact 180
gggaggaact ggggtgataa gaaatctatt cactgtcaag gtttattgaa gtcaaaatgt 240
ccaaaaaat cagtggcggg tctgtggtag agatgcaagg agatgaaatg acacgaatca 300
tttggaatt gattaaagag aaactcattt ttccctacgt ggaattggat ctacatagct 360
50 atgatttagg catagagaat cgtgatgcc aacacgacca agtcaccaag gatgctgcag 420
aagctataaa gaagcataat gttggcgta aatgtgccac tatcactcct gatgagaaga 480
gggttgagga gttcaagttg aaacaaatgt ggaaatcacc aaatggcacc atacgaaata 540
ttctgggtgg cacggtcttc agagaagcca ttatctgcaa aaatatcccc cggcttgtga 600
gtggatgggt aaaacctatc atcataggtc gtcattgcta tggggatcaa tacagagcaa 660
55 ctgattttgt tgttcctggg cctggaaaag tagagataac ctacacacca agtgacggaa 720
ccaaaagggt gacatacctg gtacataact ttgaagaagg tggtggtgtt gccatgggga 780
tgtataatca agataagtca attgaagatt ttgcacacag ttccttccaa atggctctgt 840

```

```

5  ctaagggttg gcctttgtat ctgagcacca aaaacactat tctgaagaaa tatgatgggc 900
   gttttaaaga catctttcag gagatatatg acaagcagta caagtcccag tttgaagctc 960
   aaaagatctg gtatgagcat aggctcatcg acgacatggg ggccaagct atgaaatcag1020
   agggaggctt catctgggcc tgtaaaaact atgatgggtga cgtgcagtcg gactctgtgg1080
10 cccaagggtta tggtctcttc ggcatgatga ccagcgtgct ggtttgtcca gatggcaaga1140
   cagtagaagc agaggctgcc cacgggactg taacccgtca ctaccgcatg taccagaaag1200
   gacaggagac gtccaccaat cccattgctt ccatttttgc ctggaccaga gggtagccc1260
   acagagcaaa gcttgataac aataaagagc ttgccttctt tgcaaatgct ttggaagaag1320
   tctctattga gacaattgag gctggcttca tgaccaagga cttggctgct tgcattaaag1380
15 gtttacccaa tgtgcaacgt tctgactact tgaatacatt tgagttcatg gataaaacttg1440
   gagaaaactt gaagatcaaa ctagctcagg ccaaacttta agttcatacc tgagctaaga1500
   aggataattg tcttttggtg actaggtcta caggtttaca tttttctgtg ttacactcaa1560
   ggataaaggc aaaatcaatt ttgtaatttg tttagaagcc agagtttatc ttttctataa1620
   gtttacagcc tttttcttat atatacagtt attgccacct ttgtgaacat ggcaaggga1680
20 ttttttacia tttttatttt attttctagt accagcctag gaattcgggt agtactcatt1740
   tgtattcact gtcacttttt ctcatgttct aattataaat gaccaaatac aagattgtct1800
   aaaagggtta atgatagcca cagtattgct ccctaaaata tgcataaagt agaaattcac1860
   tgccttcccc tcctgtccat gaccttgggc acagggaagt tctggtgtca tagatatccc1920
   gttttgtgag gtagagctgt gcattaaact tgcacatgac tggaacgaag tatgagtga1980
25 actcaaagt gttgaagata ctgcagtcac ttttgtaaag accttgctga atgtttccaa2040
   tagactaaat actgttttag ccgcaggaga gtttgaatc cggaataaat actacctgga2100
   ggtttgcctt tccatttttt ctctttctcc tcctggcctg gcctgaatat tatactactc2160
   taaatagcat atttcatcca agtgcaataa tgtaagctga atcttttttg gacttctgct2220
   ggctgttttt atttctttta tataaatgtg atttctcaga aattgatatt aaacactatc2280
30 ttatcttctc ctgaactgtt gattttaatt aaaattaagt gctaattacc attaaaaaaa2340
   aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaa 2367

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

## 30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1321 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19

```

55 cctggaaaca agatccaaac ccaagtgacc ccgccggaaa gtgaccagc caggtttaaa 60
   aattccaaca aaccgacgtg aacaaataga ccgaccaacc aaatatacaa tccgtcaaaa 120
   tacattcact tccactacga aacccaaca aagggtgtga atgcccgccc aggagagacg 180
   gttttggttt catcaagtgt gtggatcgtg atgttcgtat gttcttccac ttcagtgaaa 240
   ttctggatgg gaaccagctc catattgcag atgaagtaga gtttactgtg gttcctgata 300
   tgctctctgc tcaaagaaat catgctatta ggattaaaaa acttcccaag ggcacgggtt 360

```

```

catttcattc ccattcagat caccgttttc tgggcacggt agaaaaagaa gccacttttt 420
ccaatcctaa aaccactagc ccaaataaag gcaaagagaa ggaggctgag gatggcatta 480
ttgcttatga tgactgtggg gtgaaactga ctattgcttt tcaagccaag gatgtggaag 540
gatctacttc tcctcaaata ggagataagg ttgaatttag tattagtac aaacagaggc 600
5 ctggacagca ggttgcaact tgtgtgcgac ttttaggtcg taattctaac tccaagaggc 660
tcttgggtta tgtggcaact ctgaaggata attttggatt tattgaaaca gccaatcatg 720
ataaggaaat ctttttccat tacagtgagt tctctggtga tgttgatagc ctggaactgg 780
gggacatggt cgagtatagc ttgtccaaag gcaaaggcaa caaagtcagt gcagaaaaag 840
tgaacaaaac acactcagtg aatggcatta ctgaggaagc tgatcccacc atttactctg 900
10 gcaaagtaat tcgccccctg aggagtgttg atccaacaca gactgagtac caaggaatga 960
ttgagattgt ggaggagggc gatatgaaag gtgaggtcta tccatttggc atcgttggga 1020
tggccaacaa aggggattgc ctgcagaaag gggagagcgt caagttccaa ttgtgtgtcc 1080
tgggccaaaa tgcacaaact atggcttaca acatcacacc cctgcgcagg gccacagtgg 1140
aatgtgtgaa agatcagttt ggcttcatta actatgaagt aggagatagc aagaagctct 1200
15 ttttccatgt gaaagaagtt caggatggca ttgagctaca ggcaggagat gaggtggagt 1260
tctcagtgat tcctaagagt tcaggcggac tggcagggtc aggcgcctgt agatgttttg 1320
g 1321

```

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- (A) LÄNGE: 384 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - 25 (C) STRANG: einzel
  - (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

- 30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- 35 (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
  - (C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- 40 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:20

```

ggtcgaatcc aaatcactca ttgtgaaagc tgagctcaca gccgaataag ccaccatgag 60
45 gctgtcagtg tgtctcctga tggctcgtc ggccctttgc tgctaccagg cccatgctct 120
tgtctgcca gctgttgctt ctgagatcac agtcttctta ttcttaagt acgctgcggt 180
aaacctccaa gttgccaaac ttaatccacc tccagaagct cttgcagcca agttggaagt 240
gaagcactgc accgatcaga tatcttttaa gaaacggctt ctcatttgaa aaagtcctgg 300
gtgggaatag tgaaaaaatg tgggtgtgtg acatgtaaaa atgctcaacc tgggtttcca 360
50 aagtcttttc aacggcaacc tgat 384

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

- 55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- (A) LÄNGE: 367 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
  - (A) ORGANISMUS: MENSCH
  - (C) ORGAN:

15

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
  - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21

20

gggcactggt ggtccggttc ctcaccaaac gattcatcgg tgactatgaa agaaatgcag 60  
gtaatctcta tactagacaa gtccagatag aagggtgaaac cctggctctt caggttcaag120  
acactccagg tattcaggtc catgagaaca gcctgagctg cagtgaacag ctgaatagg180  
gcattcgctg ggcagatgct gtggtgatcg tttctccat cactgactac aagagctatg240  
25 aactcatcag ccagctccac cagcacgtgc agcagctaca ccttgggcac ccggctgcct300  
gtgggtgggc gtgggccaac aaaagtgacc tgttgcacat caaacagggt gaccctcagc360  
ttggact 367

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

30

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
  - (A) LÄNGE: 2621 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STRANG: einzel
  - 35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
  - 45 (A) ORGANISMUS: MENSCH
  - (C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
  - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 22

```

gggcctttgc ccgccttggc ggccggctct acgttccctg ttctcgctg cagctccgcc 60
atggctccta aaggcagctc caaacagcag tctgaggagg acctgctcct gcaggatttc 120
agccgcaatc tctcggccaa gtcctccgcg ctcttcttcg gaaacgcgtt catcgtgtct 180
gccatcccca tctggttata ctggcgaata tggcatatgg atcttattca gtctgtgtgt 240
5 ttgtatagtg tgatgaccct agtaagcaca tatttggttag cctttgcata caagaatgtg 300
aaatttggtt tcaagcacaa agtagcacag aagaggagg atgctgtttc caaagaagt 360
actcgaaaac tttctgaagc tgataataga aagatgtctc ggaaggagaa agatgaaaga 420
atcttggtga agaagaatga agttgtctgt tatgaagcta caacattttc catcttctat 480
aacaacactc tgttcctggg cgtggctcatt gttgcttctt tcttcattat gaagaacttc 540
10 aacccacacag tgaactacat attgtccata agtgcttcat caggactcat cgccctcctg 600
tctactggct ccaaatagac catgtcagct tcacccctcg gctttgtgtc tatgggtggc 660
ctgtggtata tggaaaagta gcagggtggg cagggtggga gacacaagat gtttttatag 720
tctagagcct ttaaaaaacc cagcagaatg taattcagta tttgtttatt ggctgttttt 780
tgacagattg ttgaaattaa atgaattgaa agggaaactc agagtactag gacgtttatt 840
15 aaaaggaaaa aaatgtcttg caatgtgctg tatcacaaag aggagaaaaa aactgttttc 900
cttgatctgt cagaggtcac agtaacctgg gccgagctgt tattatttat tatataatag 960
tagtaggaag ttaataactg gttctctgtg ttccaagcac aatattacaa cttcttttga 1020
accgtaataa tcagaatgaa tcctcttccc aggggattga acagaagctt aatgtttaca 1080
agtgtttgaa tttgtgatct gaaataacac aaaattaaaa acatgatttc tctaattttc 1140
20 caactagagg aagagaaact tgtggaagag ttcttttttt ttcgtttttt tttcttaaag 1200
aagggcagcc aaggtagtaa cctaaaaata gtgcccaggc atatgagagt tgcctacga 1260
ggtaaagaa cacactgttc cactgtatgg ctttgccctt gagggtgccag ggaggtcaac 1320
ttgacctgac catgttggtt tgacttacta agacacagga atcattgttt tccttgaccal 1380
gggtctcaca ccctggagga atgttaagta agagaaagaa cctctttcct gaatattgac 1440
25 atgtaaaaga ccaaagtaat tttctgaac ttctgcaatt ctgagaactc tccaaggaat 1500
ttacagtgat tttagtgtt gtcagcatth ttccatgagg actttcatac atttgactct 1560
ttagtccaca ggttccatt gattgtgagc aagatattta tctctttagc ccttggggat 1620
ccagctgaga gcaatctctt gcattttttt acccgtgtat gtacagatat catttcttgt 1680
gtatgccatg acttgaaaaa gtttggaag ctcttttagca atatcagcta aaaggatat 1740
30 aaatcacagg tgatagcagt tgtcattcag taatttccta caagcagcac ccaaaaggaa 1800
atatactcct aatctttact atccacttct aaatttaagt tgaatttcat acatgttatt 1860
agttgttttc tttataattt tataaaaaatt attcatcggg agtttaactt ccacttccat 1920
gctatcggat gtgttgggct ccatgcaaga acttggaaga aaaacaggca ggaatgcatt 1980
tgcataatga cccagatcat cattttctgc aactgagaat tatatttcat cattgttct 2040
35 agaagtctgc aattctttac ttttctttgg tgcattatta tctaggtgcc atcactggat 2100
aatgtggagt gactagagaa gtcacatac actgtaaggt acagttaggg taacacttta 2160
gaggtttatt atttttaaaa aacttttctt gaactcctgg ccaacatggt gaaaccccg 2220
ctctactaaa aataccaaaa ttagccaggc gtgatggtgg gtgcctgtaa tctcagctac 2280
ttgggaggct gaagcaggag aactgcctga acccaggagg cagagggtgc agtgagtoga 2340
40 gatcgtgcta ctactgcctg ggtggcaagg gtgagactcc atctcaaaaa agaaacaaaa 2400
aaaccacaaa agttttcttt actgttggtt aaaaaaaaaa gccagaccat agtttgactg 2460
gtggcatgga atttgtgtat caaataaatg catttgctta tttgacaaac aaaaagtgtc 2520
cactattggt gaccgaggtg gggccgtttt tttgaaattg ggggggaaat ttgcccggtg 2580
gtgggagggc ctttgtgggg ggggaaaaat tgcccccttg g 2621

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2019 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 23

10  
15  
20  
25  
30  
35  
40  
45

```
ctgtatccta atttcttggg gaatgaactc attctttaa acagaagcaa agttgaggaa 60
aagagggttc aattggacca ctcagtgagt agcaccaatg gccacaggtg gcagatatatt 120
caagattggt tgggaactga ccaagataac cttgatttgg ccaatgtcaa tcttatgttg 180
gagttactag tgcagaagaa gaaacaactg gaagcagaat cacatgcagc ccaactacag 240
attcttatgg aattcctcaa ggttgcaaga agaaataaga gagagcaact ggaacagatc 300
cagaaggagc taagtgtttt ggaagaggat attaagagag tggaagaaat gagtggctta 360
tactctcctg tcagtggagg tagcacagtg cctcaatttg aagctccttc tccatcacac 420
agtagtaatt ttgattccac agaatacagc caacctccag gtttcagtg gaggttctcag 480
acaaagaaac agccttggtg taatagcacg ttagcatcaa gacgaaaacg acttactgct 540
cattttgaag acttggagca gtgttacttt tctacaagga tgtctcgtat ctcatagatg 600
agtcgaactg caagccagtt ggatgaattt caggaaatgt tgtccaagtt tactcgatat 660
aattcagtac gaccttttag cacattgtca tatgctagt atctctataa tggttccagt 720
atagtctcta gtattgaatt tgaccgggat tgtgactatt ttgcgattgc tggagttaca 780
aagaagatta aagtctatga atatgcact gtcattccagg atgcagtggg tatttcattac 840
cctgagaatg aaatgacctg caattcgaaa atcagctgta tcagttggag tagttaccat 900
aagaacctgt tagctagcag tgattatgaa ggcactgtta ttttatggga tggattcaca 960
ggacagaggt caaaggtcta tcaggagcat gagaagaggt gttggagtg tgaactttaat 1020
ttgatggatc cttaaactctt ggcttcaggt tctgatgatg caaaagtga gctgtggtct 1080
accaatctag acaactcagt ggcaagcatt gaggcaaagg ctaatgtgtg ctgtgttaaa 1140
ttcagccctt cttccagata ccatttggct ttccgctgtg cagatcactg tgtccactac 1200
tatgatcttc gtaacactaa acagccaatc atggtattca aaggacaccg taaagcagtc 1260
tcttatgcaa agtttgtgag tggtaggaa attgtctctg cctcaacaga cagtcagcta 1320
aaactgtgga atgtagggaa accatactgc ctacgttctt tcaagggtca tatcaatga 1380
aaaaactttg taggcctggc ttccaatgga gattatatag cttgtggaag tgaaaataa 1440
tctctctacc tgtactataa aggactttct aagactttgc taacttttaa gtttgataca 1500
gtcaaaagtg ttctcgacaa agaccgaaaa gaagatgata caaatgaatt tggtagtgct 1560
gtgtgctgga gggcactacc agatggggag tccaatgtgc tgattgctgc taacagtcag 1620
ggtaacaatta agtgctaga attggtatga agggtaact caagtcaaat tgtacttgat 1680
cctgctgaaa tacatctgca gctgcaaatg agagaagaaa cagaaaatgt catgtgatg 1740
ctctcccaa agtcatcatg ggttttgat ttgttttgaa ttttttttc tttttttct 1800
ttccctcctt tatgacctt gggacattgg gaatacccag ccaactctcc accatcaatg 1860
taactccatg gacattgctg ctcttggtgg tggtatctaa tttttgtgat agggaaacaa 1920
attcttttga ataaaaataa ataacaaaac aataaaaagt tattgagcca caaaaaaaa 1980
aaaaaaaaa aaaaaagaaa agaaggagg agggaaagg 2019
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 1866 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 24

```

15 gtgggtgctg tgacaggcac tatttgaagt gctttatcat ggattaactc ttaatcctca 60
   gctaccgtat aaagtaggac ataaccocat ttcacatgca ctacactgag acttgccctcc 120
   tctcccccca cattgaagat gttctttttt cataactata tactattcca ttgcatgaat 180
   attctgtaat ttatttaatc ccctatggat tgataattag gttcattata gatagaagtg 240
   taattaacat tcctgtacat gtattttgct acttggtggg gtatttctgt aggatgaata 300
   actagaaatt tattggatca ggtttcacat ttgcagtttt gaaaactact accaaaaaga 360
20 tttcaccaat ttacaactcc atcattagta agaatgcctg tttgcctata gtctgccaac 420
   cctgaatcct taaaaatttt tgccaatctg tagggcaaaa tttctttctt ttctttgaat 480
   attaatgagg aggaacatct tttcatgttt cttggccatt tgcatttcct attatgaatt 540
   gcttttgccc attttccttt ttttaattat gaaagtctaa tgactacctt ctcattgtat 600
   aaaaaacaca gttctttgaa tagagagacc cttttctcca atgctacca tcacattcca 660
25 cttaccacag tttaacatac atcctctagt cacccttccg tacgaatata catcacata 720
   aaaacacttt ttacataaat aggatctcat attctgtagc tttttaaaat tttggtctca 780
   aaaaaagata acaggtcttt aaatttcttt aatggttgaa tatgattaaa tactatgaaa 840
   atgccattat ttattccctt aatttttttc ctctcgctat tacattgcca aagtaaacad 900
   cctattcaga tgtctttgtg catgtgtgtg aatatttctt tagtctggag tccagtaagg 960
30 tggatttttg gatcaaaggg tttgttctct gtccaccttc agtcttccca aaggccttca1020
   taactgtatt ttcaccaagt gtatggagaa tgttcatttc cccatataac catacctaca1080
   ttgatagtt ttatctgttt gggcgaaaaa gaaccttttc ttattttgca tttccctgat1140
   tataaaaaaa aatggtgaga ttgggggttat tttcatgttt attggccatt tatagtttac1200
   tgtggattgt ttgtatccct tacctgcttt ctattgggtt atgtgtggat atattgtttt1260
35 tatttgttca gcatctcctt ccccatcttc tggtaacaca acctttattt atttgtgggg1320
   aacctattcc ctgtggctta ggtgagcatg tgaccaggcc tggcctcctg agtcccacag1380
   cttcctagcc acagtgataa aagaatgggt atataactta agccaggcta aggaaagccc1440
   ttaacagaac ttctgctgga actactggaa agaaggcttt atggagatcc caggaaccaal500
   ggaccatgta agcctgaatt tgtgccatgt ggagagagtc tgtctgagga gaaactcgga1560
40 tgctagcaga aatggaaaga gaactaagtt ctgatgtcat ttttctggag gccctagatc1620
   cagctgtgcc taaagcctgc cctacctccg gactttaaag ttttgtgagc caataaagtc1680
   cctttcttgt ttaagataat tgaattgagt ttctgttctg attaatatag gttatttgta1740
   ttttcttatt gatttgtaga aaacctttgt aattttaaat tctagacttt atgcactata1800
   taagttaata aaattagcat ggccttccat gaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa1860
45 aaaaaa 1866

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25:

50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 1189 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA



(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25

```

15 ctagcaagca ggtaaacgag ctttgtacaa acacacacag accaacacat ccgggggatgg 60
   ctgtgtgttg ctagagcaga ggctgattaa acactcagtg tgttggctct ctgtgccact 120
   cctggaaaat aatgaattgg gtaaggaaca gttaataaga aaatgtgcct tgctaactgt 180
   gcacattaca acaaagagct ggcagctcct gaaggaaaag ggcttgtgcc gctgccgttc 240
   aaacttgtca gtcaactcat gccagcagcc tcagcgtctg cctccccagc acaccctcat 300
   tacatgtgtc tgtctggcct gatctgtgca tctgctcgga gacgctcctg acaagtcggg 360
20 aatttctcta tttctccact ggtgcaaaga gcggatttct ccctgcttct cttctgtcac 420
   ccccgctcct ctccccagc aggcctccttg atttatggta gcttggact tgcttccccg 480
   tctgactgtc cttgacttct agaatggaag aagctgagct ggtgaaggga agactccagg 540
   ccatcacaga taaaagaaaa atacaggaag aaatctcaca gaagcgtctg aaaatagagg 600
   aagacaaact aaagcaccag catttgaaga aaaaggcctt gagggagaaa tggcttctag 660
25 atggaatcag cagcgaaaaa gaacaggaag agatgaagaa gcaaaatcaa caagaccagc 720
   accagatcca ggttctagaa caaagtatcc tcaggcttga gaaagagatc caagatcttg 780
   aaaaagctga actgcaaact tcaacgaagg aagaggccat tttaaagaaa ctaaagtcaa 840
   ttgagcggac aacagaagac attataagat ctgtgaaagt ggaaagagaa gaaagagcag 900
   aagagtcaat tgaggacatc tatgctaata tccttgacct tccaaagtcc tacatacctt 960
30 ctaggttaag gaaggagata aatgagggaa aagaagatga tgaacaaaaat aggaaagctt1020
   tatatgccat ggaaattaaa gttgaaaaag acttgaggac tggagaaagt acagttctgt1080
   cttcaatacc tctgccatca gatgacttta aaaggtccag gagtataaagt ttatgatgat1140
   gggcaaaagt ccagtgtatt cagtaaagtg ctaatcacia gttggaggt 1189

```

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
40 (A) LÄNGE: 1418 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
45 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

55 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

## (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 26

```

5 gagctcgag ctccgccggc gcctgggtccc agcgcccgcg gcgcccgcgc cccggcccaa 60
ccatggcgctc ctccgcggcc ggctgcgtgg tgatcggttg cagtgaggatc attgggcgaa 120
gtgggcatag ctgtttgccg gtggaggcctt ccagggtgaaa ctctatgaca ttgagcaaca 180
gcagataagg aacgccctgg aaaacatcag aaaggagatg aagttgctgg agcaggcagg 240
ttctctgaaa ggctccctga gtgtggaaga gcagctgtca ctcatcagtg gttgtcccaa 300
10 tatccaagaa gcagtagagg gtgccatgca cattcaggaa tgtgttccag aagatctaga 360
actgaagaag aagatttttg ctcatgttaga ttccatcatt gatgatcgag tgatcttaag 420
cagttccact tcttgctca tgccttccaa gttgtttgct ggcttgggtcc atgtgaagca 480
atgcatcggtg gctcatcctg tgaatccgcc atactacatc ccgctgggtg agctgggtccc 540
ccaccgggag acggccccca cgacagtggc cagaaccac gccctgatga agaagattgg 600
15 acagtgcctc atgcgagtc agaaggaggt ggccggcttc gttctgaacc gcctgcaata 660
tgcaatcatc agcgaggcct ggcggtcagt ggaggaagga atcgtgtctc ctagtacact 720
ggaccttgct atgtcagaag ggttgggcat gcggtatgca ttcattggac ccctggaaac 780
catgcacttc aatgcagaag gtatgttaag ctactgcgac agatacagcg aaggcataaa 840
acatgtccta cagacttttg gaccattcc agagttttcc agggccactg ctgagaaggt 900
20 taaccaggac atgtgcatga aggtccctga tgaccggag cacttagctg ccaggaggca 960
gtggagggac gagtgcctca tgagactcgc caagttgaag agtcaagtgc agcccagtg1020
aatttcttgt aatgcagctt ccaactcctc cattggaggc cctatttggg aacactgcaa1080
gcccttaatc agccctctgt gacataggta gcagcccacg gagatcctaa gctggctgtc1140
ttgtgtgcag cctgagtggg gtgggtgcagg ccggtagtct gcccgtoact ttggatcata1200
25 gccctgggcc tggcggcaca gcagcacttg cgttctcggg gctgtcgatt tcctgccacc1260
tgggcagata acctggagat tttcaccttt tctttttcag cttgattgca tttgagtatg1320
atttgacagc cagtattgt agttttcatg ttaatatgtg ggcaaaatat ttttgaatt1380
atthttgtaa tccctttctg agtaaatctg gggtcctt 1418

```

## 30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 814 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

35 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 27

```

gcagcaacgg ggtgcggcag ggtggggaac gcgggagggg gccagctccc aggaaagctg 60
55 gtctgcgagc ggccctgcc cggctcccag gtccctgcgc gaccccgccc ttcccagac120

```

```

cccagccggg ctgccgccc cgtcccggaa gctccagcct gaaccatgtt tttcacttgt180
ggcccaaagt aggccatggg ggtctccggg ttctgccgaa gccccccagt catgggtggct240
ggaggcgctg tctttgtcct gccctgcac caacagatcc agaggatctc tctcaacaca300
ctgacctca atgtcaagag tgaagagggt tacactcgcc atgggggtccc catctcagtc360
5 actggcattg cccaggtgaa gctttcagag ccttttccc acagtccact tccccatcac420
cctctctccc agacattaag acatcttctg gccacagtct tctcaaccct tgcctgcaga480
gaagtccctc tgctagtctc atcttttcca ggcaccccaa ggcacttgcc tctcctcct540
ttctttccct gaaatggaag aagcatttct gagagggtc tcccttctct ctctgctttt600
cctctgactt catgagaccc ccaccacacc ttctctacc ctactctggc tacaggtaaa660
10 aatccagggg cagaacaagg agatgttggc ggccgcctgt cagatgttgc tggggaagac720
ggaggctgag attgcccaca ttgccctgga gacgttagag ggccaccaga gggccatcat780
ggccacatg acttgtggga gggttgggct taga 814

```

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 28:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3039 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

20 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

35 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 28

```

gaactgagat attgtaatca aatagttaac atcaggaagt taatttggct ggcaaaattc 60
40 tagggaaact tggccagaaa actggtgttg aaggcttttg ctcataaaa caagtgccat 120
tgagtttcaa atgaccagca aatatattta gaacccttcc tgttttatgt ctgtacctcg 180
tccaccctc aggtaatacc tgcctctcac aggtacagct gtttcttgga aatcctccaa 240
ccaaatagca gttttcctaa cttgattagc ttgagctgac agactgttag aatacagttc 300
tctggccaca gctgatgagg gctttctgta ctgcacacag attgtgtact gcaccccgat 360
45 ccagggtgact ggtaccact cgagttgtgc cgtgcaaaac ctgtccagta tatgcatgtg 420
gtggccctac tgactggtaa tggtagagg catttatgga ttttaagctt tgaggaaaaa 480
ccatgacttt taacaaattt ttatgggta tatgcctaaa cccttatgcc acatagtggg 540
aaataattat gaaaaatggg ctgttcataa ttggtaggtg ccttttgatg gcaggagaca 600
taattatttg tttattatgg taattatggg gatgttttaa atatcatgta atgttaaaac 660
50 gttttctaac agtttactgt tgcttatctc caagatatta tggaaattaag aatttttcca 720
gatgagtgtt acatagattc tttgaattta gtataaaagt actgagaatt aagtttgtac 780
ttccataagc ttggatttta aacactgata gtatctcatg agtaatgtgt gttttgggag 840
agggagggat gctgattgat atttcacatt gtatgaaata ccatgtttga aactcatagc 900
aataatgcta tgctgttgtg atccctctca agttctgcat ttaaaatata ttttttcttt 960
55 ataggaattg atgtatacca tgaagtcatt gtcagttgta gtagctctga tgttgaaatga1020
gatcatcatg ttttagcattc cattttactg actagggtag aagaacactt ttcttggtcta1080
catttgagg ataccaggag agtcttgggt gttccttctc tggggaagca aacatttcac1140

```

```

tagtctcttt ttttcatcct tttaattgta aattaaggat tactcaagct caccattatt1200
caagattggg actcgcttcc cagtcgacac tctgccctgc ctgtcattgc tgcaaagagc1260
tgctgctttg ccaacctaag caaagaaaat acggcttctc ttgcattatt ttcccttttg1320
gttggtttgt tttctagaag tacgttcaga tgctttgggg aatgcaatgt atgatttgct1380
5 agctctctca ccacttaact cactgtgagg ataaatatgc atgctttttg taattaactg1440
gtgctttgaa aatctttttt aaggagaaaa aatctcaacc aaagtattgc tcatccagac1500
aagctgacct ttgagttaat ttcagcacia ctcatcttc agtgcctcat gactgaaaac1560
aaaaaacaaa aaaacgaaag catcttcaca atgaagcttc cagatagcac cgttttgcta1620
aaagatacat tctcattgtt ttccaacagt gatggcttcc acataagggt aaacaaacta1680
10 ggtgcttgta aataatttat tacagtttac tctatcgcat ttctgtaaca tgaatgcat1740
gcccttcttc aggggaagac tgtggtcaag ttaaaaaaaa aaaacaatat taaacaacat1800
gaaactgcag tctgtttttg aaaatgagaa tgccttaagt gattcagaag agaggaggga1860
agttgtgcac tctgaaaatg catgaaaaac aaaggcaaaa actagtggga aatgtgtaga1920
actgttaact gagacggctt cgagctcttc ttctggaatc tgtaaattt cacaaagtca1980
15 tgagggtaaa tggagaaaa atttctggga ttacaatgaa tgtaagcca aattgtggaa2040
ttgccagtaa cctggatggg gaaaagcatt tcccatagca ctccatgtaa tatgagtgc2100
ctgtgagatg ttcatcagt ttttatagaa atgggtgttc tgggaaacca agtttgcacc2160
tggaaactta caatgcact tagcgcagta agggcttggc atccggtagt gaaaaactgt2220
ctaaccacgc attgcccaaa ctattttgac accaggacct ttttctcct tgggatactt2280
20 atgaacctct cactaatgtc ctgtggagaa cattttgga aacactatgt tagatagttc2340
tttaaggaga caaaccgta atgaacagat agcactgggg cagaatatgc atgcattttg2400
taacgtccag tgtggcggtg aatagatgtg tatctctcc cctgcagaaa ataagcacag2460
aaaattataa tgtaggatg cggagctctt tcctttgata gagagaacag ccccaatgat2520
cctggctttt tcaactgaac tatcagaata catggatgaa ttggggtaaa taaggtttta2580
25 attcagatct agaagaaagt attgtacgt tgaatgcaga tttttatcca cagatagttg2640
tagtgtttag acatgacagg acctatcgt gaggtttcta agacttacta tgggctgtaa2700
acctgttttt taaaactatt ttagaaacct gagacttgcc gtctggcatt ttagttta2760
acaaactaat gattgcattt gaaagagatt cttgacctta tttctaaacg tctagagctc2820
tgaaatgtct tgatggaagg tattaacta ttgcctgtt gtacaaagaa atgttaagac2880
30 tcgtgaaaag aattactata aggtactgt aaataactgc gattttgtga gcaaaaacata2940
cttggaatg ctgattgatt tttatgcttg ttagtgatt gcaagaaaca cagaaaatgt3000
agttttgttt taataaacca aaaattgaac ataaaaacc 3039

```

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 1448 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 40 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

- 45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- 50 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 55 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 29

```

taccaatctg aagggggaag cggcgcgcgc atcgccctccc ggcgctccct ccccgactcc 60
taagtccttc ggccgccacc atgtccgcct cggtgtgttt cattctggac gttaagggca 120
agccattgat cagccgcaac tacaagggcg atgtggccat gagcaagatt gagcacttca 180
5  tgcctttgct ggtacacggg gaggaggaag gcgccttggc cccgctgctg agccacgggc 240
aggtccactt cctatggatc aaacacagca acctctactt ggtggccacc acatcgaaga 300
atgccaatgc ctccctgggtg tactccttcc tgtataagac aatagaggta ttctgcgaat 360
acttcaagga gctggaggag gagagcatcc gggacaactt tgtcatcgtc tacgagttgc 420
tggacgagct catggacttt ggcttcccgc agaccaccga cagcaagatc ctgcaggagt 480
10 acatcactca gcagagcaac aagctggaga cgggcaagtc acgggtgccca cccactgtca 540
ccaacgctgt gtccctggcgc tccgagggta tcaagtataa gaagaacgag gtcttcattg 600
atgtcataga gtctgtcaac ctgctgttca atgccaacgg cagcgtcctt ctgagcgaaa 660
tcgtcggtag catcaagctc aaggtgtttc tgtcaggaat gccagagctg cggctgggccc 720
tcaatgaccg cgtgctcttc gagctcactg gccgcagcaa gaacaaatca gtagagctgg 780
15 aggatgtaaa attccaccag tgcgtgcggc tctctcgctt tgacaacgac cgcaccatct 840
ccttcatccc gcctgatggt gactttgagc tcatgtcata ccgcctcagc acccagggtca 900
agccactgat ctggattgag tctgtcattg agaagttctc ccacagccgc gtggagatca 960
tggatcaaggc caaggggcag tttaagaaac agtcagtggc caacgggtgtg gagatatctg1020
tgctgtacc cagcagatgcc gactccccca gattcaagac cagtgtgggc agcgccaagt1080
20 atgtgccgga gagaacgctc gtgatttggg gtattaagtc tttcccgggg ggcaaggagt1140
acttgatcgc agccactttt ggccctcccc gtgtggaaaa ggaagagggtg gagggccggc1200
ccccatcgg ggtcaagttt gagatccccct acttcaccgt ctctggggtc caggtccgat1260
acatgaagat cattgagaaa agtgggttacc agggccctgc cctgggggtt cgctacattc1320
accagagtg ggcgattacc aactttcgtt accagctagg aaggggagaa gagatggggg1380
25 ggttttaaca cggggtttgc ttacagccc cggtatgcaga tttttagaag ggagggcagg1440
tgcgggtt 1448

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

## 30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1394 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30

```

atgaatacaa ggctgcaagt ggaacatcct gttactgaga tgatcacagg aactgacttg 60
gtggagtggc agcttagaat tgcagcagga gagaagattc ctttgagcca ggaagaaata 120
actctgcagg gccatgcctt cgaagctaga atatatgcag aagatcctag caataacttc 180
55 atgcctgtgg caggcccatt agtgacacct tctactcctc gagcagaccc ttccaccagg 240
attgaaactg gagtacggca aggagacgaa gtttccgtgc attatgacct catgattgcg 300

```

```

aagtgggtcg tgtgggcagc agatcgccag gcggcattga caaaactgag gtacagcctt 360
cgtcagtaca atattgttgg actgcccacc aacattgact tcttactcaa cctgtctggc 420
caccagagat ttgaagctgg gaacgtgcac actgatttca tccctcaaca ccacaaacag 480
ttgttgctca gtcggaaggc tgcagccaaa gagtctttat gccaggcagc cctgggtctc 540
5 atcctcaagg agaaagccat gaccgacact ttcactcttc aggcacatga tcaattctct 600
ccattttcgt cttagcagtgg aagaagactg aatatctcgt ataccagaaa catgactctt 660
aaagatggta aaaacaatgt agccatagct gtaacgtata accatgatgg gtcttatagc 720
atgcagattg aagataaaaac tttccaagtc cttggtaatc tttacagcga gggagactgc 780
acttacctga aatgttctgt taatggagtt gctagtaaag cgaagtgatt atcctggaaa 840
10 acactattta cctattttcc aaggaaggaa gtattgagat tgacattcca gtcccaaat 900
acttatcttc tgtgagctca caagaaactc agggcgggcc cttagctcct atgactggaa 960
ccattgaaaa ggtgtttgtc aaagctggag acaaagtga agcgggagat tccctcatgg1020
ttatgatgcg catgaagatg gagcatacca taaagtctcc aaaggatggc acagtaaaga1080
aagtgttcta cagagaagg gctcaggcca acagacacac tcctttagtc gagtttgagg1140
15 aggaagaatc agacaaaagg gaatcggaat aaactccagc aaggaaatgg ccagttaagt1200
agtgtcttct ctctccacca aaaagaggaa gtgcctccag cttttctggg ggtctcataa1260
agagcagttt tactaaatga ttgtatgctt atgctgaaca cctttcatat tggagaatca1320
tgcatattggg tactaatta tctcaaaaata tttcatacta ataaagttga attatttttt1380
attggaagcc aaaa 1394
20

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 31:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 734Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- 35 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 40 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 31

```

45 gccgacaaga tggtcttctg gctctctccg gctgcggggc gagtagtcgt ccgacgtctg 60
gccgtgagac gtttcgggag ccggagtctc tccaccgcag acatgacgaa gggccttggt120
ttaggaatct attccaaaga aaaagaagat gatgtgccac agttcacaag tgcaggagag180
aattttgata aattgttagc tggaaagctg agagagactt tgaacatata tggaccacct240
ctgaaggcag ggaagactcg aaccttttat ggtctgcac aggacttccc cagcgtgggt300
50 ctagttggcc tcggcaaaaa ggcagctgga atcgacgaac aggaaaactg gcatgaaggc360
aaagaaaaca tcagagctgc tgttgacgag ggggtgcaggc agattcaaga cctggagctc420
tcgtctgtgg aggtggatcc ctgtggagac gctcaggctg ctgaggagg agcgggtgct480
ggtctctatg aatacgtatg cctaaagcaa aaaaagaaga tggctgtgtc ggcaagctc540
tatggaagtg gggatcagga ggcctggcag aaaggagtcc tgtttgcttc tgggcaagaa600
55 cttgggcacg ccaatttgat gggagacgcc agccaattga gattgacgcc aaccagattt660
tgccgaaatt atttgagaag attttcaaaa ttggtagtta gttaaaaccg aggtcctttt720
cagaccccaa tttt 734

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 32:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 5 (A) LÄNGE: 692 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:
- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 32

25 tgcagcgcgt gcgtgctgcg ctactgagca ggcgccatgga ggactctgaa gcactgggct 60  
tgaacacat gggcctcgat ccccggtcc ttcaggctgt caccgatctg ggctggctcg120  
gacctacgct gatccaggag aaggccatcc cactggccct agaagggaag gacctcctgg180  
ctcggggcccg cacgggctcc ggaagacgg ccgcttatgc tattccgatg ctgcagctgt240  
30 tgctccatag gaaggcgaca ggtccggtag tagaacaggc agtgagaggc cttgttcttg300  
ttcctaccaa ggagctggca cggcaagcac agtccatgat tcagcagctg gctacactact360  
gtgtctcgga tgtccgagtg gccaatgtct cagctgctga agactcagtc tctcagagag420  
ctgtgctgat ggagaagcca gatgtgtag tagggacccc atctcgcata ttaagccact480  
tgcagcaaga cagcctgaaa cttcgtgact ccctggagct tttgggtggtg gacgaagctg540  
35 accttctttt ttcccttttg ctttgaagaa gagctcaaga agtcttcctc tggctcacttt600  
gcccccgat ttaacaagg cttttctcat gtcagctact ttaacgagg acgtacaagc660  
actcaaggag ctgatattac ataagccggt at 692

## 40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 45 (A) LÄNGE: 571 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- 50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33

10

```
ctgccacgca cgactgaaca cagacagcag ccgcctcgcc atgaagctgc tgatggctct 60
catgctggcg gccctcctcc tgcactgcta tgcagattct ggctgcaaac tcctggaggag120
catggttgaa aagaccatca attccgacat atctatacct gaatacaaag agcttcttca180
agagttcata gacagtgatg ccgctgcaga ggctatgggg aaattcaagc agtggttcct240
15 caaccagtca catagaactc tgaaaaactt tggactgatg atgcatacag tgtacgacag300
catttggtgt aatatgaaga gtaattaact ttacccaagg cgtttggtc agagggctac360
agactatggc cagaactcat ctgttgattg ctagaaacca cttttctttc ttgtgtgtgc420
tttttatgtg gaaactgcta gaaactgtt gaaacctcaa attcatttcc atttcaataa480
actaactgca aatcacaaaa aaaaaaaaaa gtcgacg 517
```

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 34:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 322 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 34

```
tcaagctgtg ggtgagaagc tctctagcag ggactctgac cttatggagg atcgctgttt 60
ccccatttt tccttttcac ccaaaaaagt cctgcttctg tcacccttca aacagcctgt120
gagcctaaat ttttgaggcc atgggacaga caaggacccc gtcttcagct gaactaaggag180
aaagtccctgc gacatctttg gccatcaaac tccaaccag tcaccaaac agagcctctg240
aggaatggcc ccttcttgcg gggaaccctt tacaatgggc ctcttgactg atgtttcccc300
50 aaaacagtgc ccctgtcatc ag 322
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:



- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 1559 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35

```
gcacgagttg agagtgagtg tgtgtgtgtg cgtgtgcacg tgcacacatg tgcacggttg 60
tatgtatggg aaataaactt ataaatgggg acgtattgga gaaggaaata catagaccta 120
caactttgag caaatagcag tgatgtttta ggaactgaaa tgtcacactt aaagtcttca 180
gcccagctac ttccctattt ttggcgggga gaagaggggc tgattagaac tgttctggtt 240
gtgtttggcg ggagggggaat aatttttgtt cagtccttct tagtgaccaa actttaattt 300
ttaagaataa tatattgact tactgaactg aagcattctg agttgaaagg agctccagag 360
gagtggagtt ctgtgttgct cacatgttaa aagccttgctc accttcagag cagaggggaat 420
acctatcttc agatatccgc ccattttcat ctcttcatta tagtcaaaca gtgtgacttg 480
agagtgttgc tctggtgtct gtattctggc ttatgaagat tatttgaaaa agaactctta 540
ctacattgaa atgcagactt ttaaaaattht aaatatggga ttaggcagtc aaaaaaccaa 600
acaagcataa aaggtcaata agttgtaatc ttaaaagtaa aggtggaaaa ctcattataa 660
atggaagaaa agttttgatt tccttttttg tttgatgggc agtatgccat attataccca 720
aagttctttt aaaaaatatt tccatcaacc atttttattt aaaataaaca tttgagggaa 780
gttaccaagg cagctttttt cctcaaaagt aacctgttcc tctttggaat agcacatttt 840
aggggcatgg ttaatacctg agatttttac tcagtaaadc ctgatgggta ctgtgtgtaa 900
aatactttta agtaggattg aaggcctctg tgggggaata aaatattacc aaagtctata 960
aaaataaatt ttacatgttc tcttttatga cagagagcag cactggttct gttattttta1020
aaatgaataa ttgatttctt gataggtgtt taatatctt tccctcactg ctgattctta1080
gatagaaacc attctttata tttgatagac tgctttcaga aaacccttat caacaagtgt1140
acaatactta tctaaaacta tacatttaga atggagcagt ttaatactag atctcagaag1200
ttttgaaaaa tagcaaagaa gactggattt ggaaagcatg gtctacaatt ggttggttaa1260
ttctgaagct atgaagaata aatgtttcaa ctttgatta tgaaacccca tttatgattt1320
45 tttaaataca cttgaaataa aaatgattaa actaaatttt ggtccagtga cattactttg1380
cactgcataa tccattatac gttgtacgac tttttttttt ggtttgattt aataactgag1440
agttttgtgt gaagctacgg catatctaac cggagaattt cggatgcctt atacggtgat1500
tatattatat gggggcattt gtagtgcagc ggaagacgga atttatgcct ttgggaaac 1559
```

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 1072 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

15

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36

```

20  cacacgtgct gacggcgggg acattcacat ccataagaag aaatctcagc aagtgttcgc 60
    gtccccagt aaacacccca tggacagcaa gggggaggag tccaagatca gctaccccaa 120
    catcttcttc atgattgaca gcttcgagga ggtgttcagc gacatgaccg tagggaagga 180
    gagatggctc gtgtggagct ggtggctagt gacaaaacca acacgttcca gggggtcatc 240
    ttccagggct ccatccgcta cgaggcgctc aagaagggtg atgacaaccg ggtgagcgtg 300
    gccgcccga tggcacagaa gatgtcgttt ggcttctaca agtacagcaa catggagttt 360
25  gtgcgcatga agggcccca gggcaagggc cagcccgaga tggcggtcag ccgagtgtct 420
    acaggtgaca cagccccctg tgggactgaa gaggactcca gccagcttc gccatgcac 480
    gagcgggtga cctccttcag cagaccccc accccagaac ggaacaaccg gcctgccttc 540
    ttctcccat ccctcaagag gaaggtgcc cggaaccgga tcgctgagat gaagaagtcg 600
    cactcgcca acgacagcga ggagttcttc cgggaggacg acggtggagc cgatctgcac 660
30  aatgcaacca acctgcggtc tcgggtccctg tcgggcacag gacggtccct ggtcgggtcc 720
    tggctgaagc tgaacagagc agatggaaac ttcttctct atgcacactt aacctacgtc 780
    acgttgccgc tgcacggat tttaacagac atcctggaag tcgggcagaa gccatcctg 840
    atgacctagc cgcgtgcgga gcctgcgcag agccccggcc gggcccagcc ctcgagtg 900
    tgccaagtgc ctacctgtcc accgccaccg ggtctgcga tggcacgcca gtgttgagc 960
35  cgcagccagg cgaggccact cgactgccg ggccggggcc gactgcacga acaccagccc 1020
    aaactgaagt gcctctgacg ggccctgctg gcgctgcttc cgccctgtgc cc 1072

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37:

40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 454 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 37

gtgctgcatg gaggtagtg cgccatccac cgtgaggagg agaggagctc tgataccctc 60  
 aggacccgcc agagggggca tcacggaggc ttctggacga cttggagctg tgcctgggg120  
 10 agaaaaccgc tcctgtgtgg gccctgagtg ctgaggagga agctgccatg cacttttccc180  
 tggcattttt cctgcatggt tcgtctgttt ttttgcaaat aacatgttgt catgaatttt240  
 tatgcatgag gcatatttca tcatgtctgt atgtgaagt ccccttcac ctttcaattg300  
 gttggtggac aggagagaga ggtccaaggt gccctacatc gtgcgccagt gccgtgggag360  
 gagatcgagc gccgaggcac ggaggagggt ggcattctacc gcatgtctgg ggtggccgca420  
 15 gacatccagg cactgaaggc agccttcaac gtca 454

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

20

(A) LÄNGE: 700 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

35

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 38

40

cttgtcggag ccctaaccag gggatatctt gagcctgggt ggatccccgg agcgtcacat 60  
 cactttccga tcacttcaaa gtgggttaaaa actaatatct atatgacaga agaaaaagat120  
 gtcattccgt aaagtaaaca tcatcatctt ggtcctggct gttgctctct tcttactggt180  
 tttgcaccat aacttcctca gcttgagcag tttgttaagg aatgagggtta cagattcagg240  
 45 aattgtaggg cctcaaccta tagactttgt cccaaatgct ctccgacatg cagtagatgg300  
 gagacaagag gagattcctg tggatcatcg tgcattctga gacaggcttg ggggggcat360  
 tgcagctata aacagcattc agcacaacac tcgctccaat gtgattttct acattgttac420  
 totcaacaat acagcagacc atctccgggt ctggctcaac agtgattccc tgaaaagcat480  
 cagatacaaa attgtcaatt ttgaccctaa acttttggaa ggaaaagtaa aggaggatcc540  
 50 tgaccagggg gaatccatga aacctttaac ctttgcaagg ttctacttgc caattctggg600  
 ttcccagcgg caaaggaagg cccgtttaca tggggttgat gatgttattt gtggcagggtg660  
 ggattttttg ccctttacat tacagcagtg aggccggggc 700

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 914 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39

25 ccggcctgcg gtgggcagca gctcaggttc tccaaatcat tgcgtagttc cgaataccct 60  
 cgccacacac tggccttctc catgctcgga ataacttcct gcagcgacca acaggctaaa120  
 gagggggaag ggatccagca ccggctcctc ctccggcaac cacggtggga gcggcgagg180  
 aaatggacat aaaccgggt gtgaaaagcc agggaaatgaa gcccgcgga gcgggaaatc240  
 tgggattcag ggcttcagag gacaggaggt ttccagcaac atgagggaaa taagcaaaga300  
 30 gggcaatcgc ctcttgag gctctggaga caattatcgg gggcaagggt cgagctgggg360  
 cagtggagga ggtgacgtg ttggtggagt caatactgtg aactctgaga cgtctcctgg420  
 gatgtttaac ttgacactt tctggaagaa ttttaaatcc aagctgggtt tcatcaactg480  
 ggatgccata aacaagaacc aggtcccgcc cccagcacc cgagccctcc tctacttcag540  
 ccgactctgg gaggatttca aacagaacac tcctttctc aactggaaag caattattga600  
 35 ggggtgcggac gcgtcatcac tgcagaaacg tgcaggcaga gccagtcag aactacaatt660  
 acaaccagca tgcgtatccc actgcctatg gtgggaagta ctcagtcaag acccctgcaa720  
 agggggggag tctcaccttc ttctcggct tcccggtgc aacctgggcc tgcttgagc780  
 tgggtgaagt tttgtaagg caatttcttg caaccaacca ccgaaggccc cggaaaaagc840  
 actgggttcg tcaagggaag ctcttcccc ctttggggcc ccagccttg tggcaggccc900  
 40 ctgggcccg gttg 914

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 40:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 45 (A) LÄNGE: 1669 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

50

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partiell cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 5 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 40

```

gagctgcagc agagcaggta acagctcttg cacctgtttc tcttgcacct gacgtgcagc 60
tgctcctacc cacctctcct ggctgagcct tgcttgatag agcagcccgaggcaccact 120
15 tgcttcccga gtctcaccct cccaggcagc tcctacactc aactgcttct ctaggaaagg 180
tctcacctcc agcctggagc agtcgggatt acagaaagcc ccctccttgg cttagggagc 240
gccatgacga ctgaaattgg ttggtggaag ctgactttcc tccggaaaaa gaaatccact 300
cccaaagtgc tgtatgagat ccctgacacc tatgccccaa cagagggaga tgcagaaccc 360
ccgaggcctg acgctggagg ccccaacagc gactttaaca cccgcctgga gaagattgtg 420
20 gacaagagca caaagggcaa gcacgtcaag gtctccaact caggacgctt caaggagaag 480
aagaaagtga gagccacgct ggcagagaa cctaaccctt ttgatgatca cgaggaagga 540
cggctcatcaa agtgaagggc tgaggagggt gctagcacct cttggctccc tgccatcagc 600
cagatctgag acaggacctt gccacgctgg cctctttggc catagctgaa gctgtggggc 660
cagttgatac ctgctggcag gaaatggctg ttttttaggt ttgtatttat gtgcccgcac 720
25 ttttgtaagg cctgggagat cccagggtcc tccaccctcc ccctgaccac atacaaaggc 780
actctagtgc aagagtgaag agtctcacc aggaggaaca gccctccttg aagcaatggc 840
aggccagca gggaggtggg catggcaggg aatggagaga gtgagccaga cagacttcac 900
ctccttactg gacacagggt caaggcgag tttcaattgc tgctcccttt actttctcta 960
cctgtgacta ctccctggac caatcctgag gagggcacat tttccagaag ccacgtgata1020
30 ggggctggtt tctgtggagc cagaggcaga gacactgaac ttgagctcac ctccaaacac1080
cggcagtaaa cttcctggaa ctttgcctc aggtgaggag gggacagagg accctggcac1140
tctgttaggg tgctgtagaa gactagattg atggtagttt ggctgttag ttctgtttt1200
ggccatgact tttgcagatg gcaagtcaca caccctcaaa gggaagctac acgggccaaa1260
tcgggggagt ggggtgggaa ttttctcctc tccctttcct actataatag tatttaagac1320
35 atatcagctc cagagatgag tctggagcc ttgaattttg ttaacaaaa taattgtagg1380
tttctctctg taataacaac gctggaaagg cagagaacct cttttatgct catgtcttgc1440
atttattgag atgactgttt ctcatgcctt tatgttcctt catgtaagta aagtggacct1500
ttgtgctcaa aaaaaaatt tcaagcttca ggaagggtt cccaagggtg gacaatgtag1560
gaacctgggt cactaatttt taccatcaaa cctagcctta gtatggggat ggggcaagca1620
40 gaaggagcta gttacacctc agtggtcagt tctctccagt caacagaga 1669

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 45 (A) LÄNGE: 355 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 41

```
10 ccggcctccc ctcgctctga ggctcggggg ccccagctcc gcgtaaactg cacgatttcg 60
ccctctgctc agctcccttc tgccccctct ttccaagaga gacttccaga tcccacattt120
tcttgactga ttttgaagct gtctgtttgc attctgattg ggaacactgg gatcattttc180
atcatgccga cagtgggtgg aatggatgta tccctttcca tgaccgacc tgtgtctatt240
gaggggtccg aggaatacca gcgtaagacc tagcagccca tggtttaacg atgcttgttt300
15 tgagcacatg gccacaaatt acaagcttga atttacagca cttgtggttt tttca 355
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 2628 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:42

```
40 gggcgcgctt gctttcgccc tctttctcca gggggagggg cgcggacttc cgcggggcgg 60
agtccgtcta gtgctgacgt tggcagccga acccaaagta gatcgaggcg gcgggctgca 120
cattcccgtt gttgcgttgc gtttctcttc tctttcactc cgcgctcacg gcggcgccca 180
aagcggcggc gacggcgggc cgagaacgac ccggcgccca gttctcttcc tcctgcgcac 240
45 ctgccctgct cggtcagtca gtcggcgggc ggcgcccggc ttgtgctcag acctcgcgct 300
tgccggcgccc aggccagcg gccgtagcta gcgtctggcc tgagaacctc ggcgctccgg 360
cggcgcgggc accacgagcc gagcctcgca gcggctccag aggaggcagg cgagtgcgag 420
agtccgaggg gtggccgggg cagggtggtg cgccgcgaag atggctcgca agcaaaggat 480
ccgtatggcc aacgagaagc acagcaagaa catcaccag cgcggcaacg tcgccaagac 540
50 ctcgagaaat gcccccgaag agaaggcgctc tgtaggacct tggttattgg ctctcttcat 600
ttttgttgtc tgtggttctg caattttcca gattattcaa agtatcagga tgggcatgtg 660
aagtgcactg ccttaagatg tttccattct cctgtgaatt ttaacttgaa ctcatctctg 720
atgtttgata ccctggttga aaacaattca gtaaagcatc ctgcctcaga atgactttcc 780
tatcatgctt catgtgtcat tccaaggttt cttcatgagt cattccaagt tttctagtcc 840
```

```

ataccacagt gccttgcaaa aaacaccaca tgaataaagc aataaaattt gattgttaag 900
atacagtagt ggaccctact tattcagtc attaagagta agttttttta tgtgggttatt 960
aaaacagtat gaacaattag tctaactctg catagacagg gtctagattt tgtaaaccal1020
aatgtataac tgcagtttagc ttaaattaca atttgaagtc ttgtgggttt tatatagctal1080
5  ggcactttat tactcttttg aactgaaagc acactccctt ataggttcat gtaactgtcc1140
tgtaataagg tgcttataaa tggaacaact acacagccta gttttgccac aaccttttagc1200
atctaaaaag ttttaaaagc ttctaaatgt ctaatataaa gggagatgct tatagccacal1260
acatctattt taccaatatt gtttcatta cactaccttg gattttgcat gagtgagtat1320
agtaacccaa gatgccataa aaaaaaactt gatcgttttc tgacttaatc agttactgtg1380
10 gtttactaa aagctaccgt ggtggagtga agtcagtcag ggaagggttg tttatgttac1440
atttatttca ccagaactat tttaatatat caaaggggtt tactatgcca aacaaaattc1500
tagggaaaaa tactgctaaa aatggatgcc tcatcagaac atgctgttga gtccaatgtg1560
ccataagaca ttttagcatg ttaaatagca cttttaatag caaaaaaagg cacatcaact1620
gcgaagttat ccttagtttg caaatgcttt ttctagatta atgatttttc aatcattagg1680
15 gtactagaca catcagccta aagtggcatc tggaattgaa tggatttact gataatgatc1740
agtctttagt cttccctttg ttatatgact ttataggtta tgattgatca aatttacgtt1800
ttactaatgg taagggtgag ggtcataggg caggtttttg gttttctagt actgttgaaa1860
actgcaagta ttggctattt gtatacttag ccataacttg gtgaaaaaaa acctgagcag1920
tgtctatgta ttaatgcgtt ggaaagaaag ctgcttggtt ttgctttggt aattgcctca1980
20 ggataatttct tttaaaataa gctgttttaa gaggaacaga agggaaatct gctacctagt2040
ctatacacag cgtgaacctc acagggggct tctgataccc tcaaaccatg agaacagtaa2100
gggagcagag tgggtaagga ctttcaggaa cttaactatt ctggaataag gaatgaatca2160
actgaccttg ggccagcagg tttttaacta aattgttact tgcttttctc acccagttaa2220
tcagtctctg tacttgtttc cctttttgaa acaagtgtct tgggtaacta attctgtttt2280
25 atggttggtc taaattcata gcagggtgct tattctttgc ttttagtcaa accattccat2340
atcagaattt tccttggttt actatagata tttagcttta agttgttgtt tgtgtttttt2400
aatgtacaat gttctgataa atttgactgt taaattgcta tagctagcaa tcattttaca2460
tatgtaaaat tgcattccct ttgtatttca tgtgtaattc accaattaag tgcagtttat2520
attcaggttg gattatgcat gtttaggtta acgaaagctg tgtcttactt gattttattct2580
30 ttaaaaataa agttccctga atatttgaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaa 2628

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 35 (A) LÄNGE: 2535 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:
- 50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43
- 55 agttcggcac agggggagga acctggccct gggaggaggc tgttgctgct tcctacagaa 60  
tcccgttctg aagggaagag catgtttgct ggcgtcccca ccatgctgta gagctcccc 120

```

aaacagtaca tgcagctcgg aggcagggtc ttgctgggtc tgatgttcat gacctcctt 180
cacttttgacg ccagcttctt ttctattgtc cagaacatcg tgggcacagc tctgatgatt 240
ttagtgggcca ttggttttaa aaccaagctg gctgctttga ctctgttgt gtggctctt 300
gccatcaacg tatatttcaa cgcttcttg accattccag tctacaagcc catgcatgac 360
5 ttcctgaaat acgacttctt ccagaccatg tcggtgattg ggggcttgct cctgggtggtg 420
gccctggggc ctgggggtgt ctccatggat gagaagaaga aggagtggta acagtacag 480
atccctacct gcctggctaa gaccctggc cgtcaaggac tgggtcgggg tggattcaac 540
aaaactgcc a gcttttatgt atcctcttc cttccctcc cttggtaaag gcacagatgt 600
tttgagaact ttatttgcag agacacctga gaatcgatgg ctgagtctgc tctggagcca 660
10 cagtctggcg tctgacctt cagtgcaggc cagcctggca gctggaagcc tccccacgc 720
cgaggctttg gagtgaacag cccgcttggc tgtggcatct cagtctatt tttgagttt 780
tttgtggggg tacaggagg ggcttcaag ctgactgtg agcagacgca ttggtattat 840
cattcaaagc agtctocctc ttatttgtaa gtttacattt tttagcgaaa ctactaaatt 900
atthttgggtg gttcagccaa acctcaaaac agttaatctc cctggtttaa aatcacacca 960
15 gtggctttga tgttgtttt gcccgcatt gtattttata ggaatagtga aaacatttag 1020
ggacacccaa agaattgatgc agtattaaag ggggtgtaga agctgctgt tatgataaaa 1080
gtcatcggtc agaaaatcag cttggattgg tgccaagtgt tttattgggt aacacctgg 1140
gagttttagt agcttgaggc aagtgaggg ggcaagaagt cctggggaa gctgctggc 1200
tggtgtctgc tggcctcaa gctggcagtg ggaagggtc gtgagaccac acaggggtag 1260
20 cccacagcagc agcaccctgc aagccagctc ggccagctgc tcagaccagc ttgcagagcc 1320
gcagccgctg tgggcagggg gtgtggcagg agctcccagc actggagacc cacggactc 1380
accagttac ctacatggg gcctttctg agcaaggctc cgaaagcgca ggccgacctg 1440
gctgagcagc accgacctt cccagctgca ctgacctgt ggacagcccc gacacaccac 1500
tttctgagg ctgctgctca ctgagattgt ccgtttgcta tgccgaatgc agccaaaatt 1560
25 cctttttaca atttgtgatg ccttaccgat ttgatcttaa tctgtattt aaagttttct 1620
aacactgcct tatactgtgt ttctctttt gggggagctt aactgctgt tgctccctgt 1680
cgtctgcacc atagtaaag ccacaagggt agtcgaacac ctctctggcc cctagacct 1740
tctggggaca ggctggtcga gcctgtctc agggctgctg cggcccagcc ccgagcctgc 1800
ctccctcttg gcctctcatc cattggtctc gcagggcagg ggtgaggcag gtttctgctc 1860
30 ataagtgtt ttggaagtca cctaccttt taacacagcc gaactagtcc caacgcgtt 1920
gcaaataatc cctggttagc ctacttctt accccgaat attggtaga tcgagcaatg 1980
gcttcaggac atgggttctc ttctctgtg atcattcaag tgctactgc atgaagactg 2040
gcttgtctca tggtttcaac ctaccaggg ctgtctctg gtccacacct cgctccctgt 2100
tagtgccgta tgacagccc catcaaatga ccttgccaa gtcacggtt ctctgtggtc 2160
35 aaggttggtt ggctgattgg tggaaagtag ggtggaccaa aggaggccac gtgagcagtc 2220
agcaccagtt ctgaccagc agcgctccg tcctagtggg tgttctgtt tctcctggcc 2280
ctgggtgggc taggcctga ttcgggaaga tgcctttgca gggaggggag gataagtggt 2340
atctaccaat tgattctggc aaaacaattt ctaagattt tttgctttat gtgggaaaca 2400
gatctaaatc tcattttatg ctgtatttta tatcttagtt gtgtttgaaa acgttttgat 2460
40 ttttggaaac acatcaaat aaataatggc gtttgttga aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 2520
aaaaaaaaa aaaaaa 2535

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:

## 45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 805 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH



## (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 44

```

ggcacgagcg gcacgagcca tctccatccc cggagcatct gtatgattca gaagtacaac 60
cacgatgggg aagcagggtcg gctggaggct tttagccaag gggaaagtgt cctaaaggaa120
10 cccaagtacc aggaagagct ggaggacagg ctgcatttct acgtggagga atgtgactac180
ttgcagggct tccagatcct gtgtgacctg cacgatggct tctctggggg aggcgcgaag240
gcggcagagc tgctacaaga tgaatattca gggcggggaa taataacctg gggcctgcta300
cctggtccct accatcgtgg ggaggcccag agaaacatct atcgtctatt aaacacagct360
tttggctcog tgcacctgac tgctcacage tctcttgtct gcccttgtc cttgggtggg420
15 agcctgggcc tgcgaccoga gccacctgtc agcttccctt acctgcatta tgatgccact480
ctgcccttcc actgcagtgc catcctggct acagccctgg acacagtcac tgttccttat540
cgctgtgtt cctctccagt ttccatgggt catctggctg acatgctgag cttctgtggg600
aaaaaggtgg tgacagcagg agcaatcatc cctttcccct tggctccagg ccagtcctt660
cctgattccc tgatgcagtt tggaggagcc accccatgga cccactgtg tgcattgtgg720
20 gagccttctg gaacacgttg ctttgcccag tcagtgggtg tgagggggta tagacagagc780
atgccacaca agccacagac ttaat                                     805

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

## 25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1279 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 45

```

cggaagtagc cgcaggcatg gcggcggtta tgccgctgtt gctctgctcg tcctgttgct 60
cctggggccc ggcggctggt gccttgacga acccccacgc gacagcctgc gggaggaaact 120
50 tgtcatcacc ccgctgcctt ccggggacgt agccgccaca ttccagttcc gcacgcgctg 180
ggattcggag cttcagcggg aaggagtgtc ccattacagg ctctttccca aagccctggg 240
gcagctgac tccaagtatt ctctacggga gctgcacctg tcattcacac aaggcttttg 300
gaggaccoga tactgggggc cacccttcc tgcaggccca tcaggtgcag agctgtgggt 360
ctgggttccaa gacactgtca ctgatgtgga taaatcttgg aaggagctca gtaatgtcct 420
ctcagggatc ttctgcgcct ctctcaactt catcgactcc accaacacag tcactccac 480
55 tgccctcctc aaaccctgg gtctggccaa tgacactgac cactacttct tgcgctatgc 540

```

```

tgtgctgccg cgggaggtgg tctgcaccga aaacctcacc ccttggaaga agctcttgcc 600
ctgtagttcc aaggcaggcc tctctgtgct gctgaaggca gatcgcttgt tccacaccag 660
ctaccactcc caggcagtg c ataccgccc tgtttgcaga aatgcacgct gtactagcat 720
ctcctgggag ctgaggcaga ccctgtcagt tgtatttgat gccttcacat cggggcaggg 780
5 aaagaaagac tggctccctct tccggatgtt ctcccgaacc ctcacggagc cctgccccct 840
ggcttcagag agccgagtct atgtggacat caccacctac aaccaggaca acgagacatt 900
agaggtgcac ccacccccga ccactacata tcaggacgtc atcctaggca ctcggaagac 960
ctatgccatc tatgacttgc ttgacaccgc catgatcaac aactctcgaa acctcaacat 1020
ccagctcaag tggaaagagac ccccagagaa tgaggcccc ccagtgcctt tctgcatgc 1080
10 ccagcggtag gtgagtggt atgggctgca gaagggggag ctgagcacac tgctgtaca 1140
caccaccca taccgggct tcccggtgct gctgctggac accgtaccct ggtatctgc 1200
gctgttacat ccactaccag cctgcccagg accggctgca accccacctc ctggagatgc 1260
tgattcagct gccggccaa 1279

```

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 20 (A) LÄNGE: 1923 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 35 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 46

```

gcgcaagaca caggaggccc aggccggcag tcaggacatg gcggcgattt gcagattcca 60
40 atctctctgt ttctgcggcg attgaacacc caacattggc gaccgggatc gcggaaagt 120
atggctgtcg tcccgcgctc tctctcagga caggacgtgg gatcatttgc atactttaca 180
attaaagaca gaataccaca gatcttaact aaggttattg atacattgca tcgacataaa 240
agtgaatttt ttgagaaaca cggagaggaa ggcgtggaag ctgaaaagaa agctatctct 300
ctcctttcta aattacggaa tgaattgcaa acagataaac catttatccc ctgggttgag 360
45 aaatttggtg atactgatat atggaatcag tacctagaat atcaacagag tcttttaaat 420
gaaagtgatg gaaaatcaag atggttctac tcaccgtggt tggttgtaga atgttacatg 480
tatcgaagaa ttcatgaagc aattatccag agtccaccaa tcgattactt tgatgtattt 540
aaagaatcaa aagagcaaaa tttctatggg tcacaggaat ccatcattgc tttatgtact 600
caccctgcaac aattgataag aactattgaa gacctagatg aaaatcagct gaaagatgag 660
50 ttttttaaac ttctgcagat ttactgtgg ggaaataagt gtgatctgtc tctctcaggt 720
ggagaaagta gttctcagaa taccaatgta ctaaatcat tggaagacct aaaacctttc 780
atattattga atgatatgga acatctttgg tcattgctta gcaattgcaa gaaaacaaga 840
gaaaaagctt ctgctactag agtgatatatt gttctcgata attctggatt tgagcttggt 900
acagatttaa tattagccga cttctgtgtg tcctctgaac tggctactga ggttcatttt 960
55 tatggaaaaa caattccatg gtttgtttct gataactacta tacatgattt taattggtaa 1020
attgaacagg taaaacacag taatcataag tggatgtcca agtgtggggc tgactgggaa 1080
gagtatatta aaatgggtaa atgggtttac cacaatcata tattttggac tctgcctcat 1140

```

```

gagtactgtg caatgcctca ggttgcaact gacttatatg ctgaactaca gaaggcacat1200
ttaattttat tcaaggggtga tttgaattac aggaagttga caggtgacag aaaatgggag1260
ttttctgttc catttcatca ggctctgaat ggcttccatc ctgcaccact ctgtaccata1320
agaacattaa aagetgaaat tcaggttggg ctgcagcctg ggcaagggga acagctcctg1380
5 gcctctgagc ccagctgggt gaccactgga aaatatggaa tatttcagta cgatgggtccc1440
ctttgacttg atttaggagc tctcagttgc atagaaagat ctggtgagca ccttttcatc1500
cccagaaaag gagcacgtga attgagtcgc ctggcggctc tgtacgcgct cagggaaagct1560
tagcttcttg gtgcccctc acgtgcactg gatgattttt cttttgaaca ttttgcccca1620
ctacactgtt tttggggata gctgggttaa gcaagttaaa gatatttaca tttatattgg1680
10 agattttaag caactttttt ttcagggtaa atatataatt tcaaagtgtt tttaaatgga1740
ccttaatttt gaagtgggtg gggccaaaaa ataaaggag ggctcctttg aggtaggtac1800
ccttggcctt tcctaaaaag ccctcaatg ggatttagat ccgggggggt ggggttattt1860
tccttggtt ggccatgaaa atccttgga cggcttatg cccttttgaa aaggggggtt1920
15 ttt

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 20 (A) LÄNGE: 706 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

## 25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## 30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## 35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 47

```

40 cattttacga caggcgggat tgttttgttg ctgtcagctt tctccgtggt ctgagtttgt 60
ggctgcattt ttatctcttg tggctctgct acggcggcgc agaaatgagg cagaagcgga120
aaggagatct cagccctgct gagctgatga tgctgactat aggagatgtt attaaacaac180
tgattgaagc ccacgagcag gggaaagaca tcgatctaaa taagggtgaaa accaagacag240
45 ctgccaaata tggcctttct gccagcccc gcctgggtgga tatcattgct gccgtccctc300
ctcagtatcg caaggtcttg atgcccaagt taaaggcgaa acccatcaga actgctagt360
ggattgctgt cgtggctgtg atgtgcaaac cccacagatg tccacacatc agttttacag420
gaaatatatg tgtatactgc cctgggtggac ctgattctga ttttgagtat tccaccag480
cttacactgg ctatgagcaa cctccatgag agctattccg tgccagatat ggacccttt540
50 ccttacagga caaggacacc ggattaggaa cagtttaaaa caagttgggt tcgtagtgtg600
gggttaagtg ggagtttgtt tgtggatggg gtgggaactt tttggggccg ttccagagga660
ttacagagtt atttttattt cggaagttta cgtgatgggt tttccg 706

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

55

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 749 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 48

gacctatcct catctgtgca aggaggagt gccaactctg gagcccaggc tgttgcttcc 60  
tgggtctggtg gtgaatcctc catagtctgg tgagtgtagt gcccaactct ggagcccagg120  
atgttgcttc ccggtctggt ggtgaatcct ccatagtctg gagatctcag ccctgctgag180  
25 ctgatgatgc tgactatagg agatgttatt aaacaactga ttgaagccca cgagcagggg240  
aaagacatcg atctaaataa ggtgaaaacc aagacagctg ccaaatatgg cttttctgcc300  
cagccccgcc tgggtggatat cattgcttgc cgccccctct cagtatcgca aggtcttgat360  
gccccagtta aaggcgaaac ccatcagaac tgctagtggg attgctgtcg tggctgtgat420  
gtgcaaacc cagagatgtc cacacatcag ttttacagga aatatatgtg tatactgccc480  
30 tgggtgggac ctgattctga ttttgagtat tccaccaggt cttacactgg gctatgagcc540  
aacctccatg aggagctatt ccgtgccaga tatggaccct tttccttaca ggacaaggac600  
accggattag gaacagttta aaacaagttg gggttcgtagt gtgggggtta gtggggagtt660  
gtttgtggat ggggtgggaa ctttttgggg ccgttccaga ggattacaga gttattttta720  
tttcggaagt ttacgtgatg gggtttccg 749

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 857 Basenpaare

40

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 49

```
accttaccaa ggggagaaaa aaacctcca ctttggtca ctgtgggtt ggcaactaaga 60
ggcacgatat ctgaaggagg tcattccagt tttaaaagta cggacagtgc tgttggaact120
gaccacaaaa atgtattgtt aaaaaaaat tgaaaaccag cagtgatttg ggtccccctg180
10 aaacctctgt gaatcggagg tgggccagg aggggtcagg acgcagcaga aatagtccca240
gaaaggagag acgggtcatg cagcgggctt gtgcttttt gtgtgtgtt gtgtgtttta300
caccatacat ctccaaatga agtatttatt aacaattgta gtgtaagcct gtgataaaat360
agcacaaagg ttctttaaag aagttcactt ttaaggcatc agaaaagtta atgtggcaaa420
cattttaatt aaaacatcag aagtaaattt tattttaaac tttaggcctc tgaatttttc480
15 cagtaaacac agttcagcta tgtggcaaag tcaatgggtg gcatctaaaa tgacttttta540
cattctacaa aaaaataaaa taaaataagg acacagcccc aaacgggtgc acctcttcgc600
ggccgctcca catgcacaga atctactagg atttgtcacg gccgggtggc acccgatttg660
ttttgactat acaacaaact ttttttcaa aagtatttgt tcaggataac tttaaaaata720
atataaaaaat aaacaatgga ttgactttt ccctcaaaat tgaaaagaaa ggggtggggg780
20 gaggtgttaa ccattggcct ttttttttt ggaggggcc cattgggatt gtaaggccct840
ggggttcgag cctttcc 857
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 50:

25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 268 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
40 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 50

```
ccgcgccccg cccccaggca attttaataa taaatcttaa tagatggggg aagagctgcc 60
ttcatcccat acagagaata caatgggtgt agactaagta gagattttat ttcagcttaa120
agattctgtt tgatgtctga aattacatgt ttaggcggca tggggaacag gactgttctt180
50 tagcatcagt ttcacaatta ctttaattca ctaggtttca ttcaccttat aattctgaaa240
tttcatcagc agtggggaac agaaaagg 268
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 297 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 51

```
ctgatgtgca ctctagggtta gtaaccattt ttgtgaaaaa tttagagaaa ttctttgagc 60
agctttccact gaaacactaa aacccaatag ggccaaaggc ccataacctg aggaaacctt120
atattattgct taatccaaca taggctatga aagttttgag tttcctcttg tgtattagaa180
tttcattcct atttgttgta gagagtatag tacggggaat cagtaaatta aatgaagtaa240
actaaagatt acacctttgc tgctggcact aagcgaaaag caaaaccagt ggctgtc 297
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 52:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 590 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 52

```

acggtcaaaa tgataactca tgtattttat tccaacaaca tttggtttat aaaggaatac 60
aaacaggcac aaaacatggt tcagaagatt tattaagtaa acttgctaaa atatggacag120
atacacttag cagtcaaaca gttgaatatt cattgctacc tcattaaagt ttttgtatct180
5 gtattaccag gtccaaacat aaaaaccacc tctgttcaaa aaataaatgt tcagagagct240
gtatgttctt tgttctggtg tgtacatttt aaaaaaacac ctctttccag tcttgctaac300
caagaatatt agtcatataa aagaacttag aatttttttc cccaagtaca agctatcttt360
tgctccaaaa cagttctgaa ggtttttatt atattttatc ttatcccag ggaccaacag420
caggcatacc tttgccaggc cttcttgtag aaagacacag agccgtaaag gcaaaaaataa480
10 aattgcaata aagtatatgg tattgggggc agggagaacc agaaaccctc aaggggacca540
atttttagca cgttcttttt ttagggttta ccctgtggag taagaactag 590

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

15

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1714 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 53

```

ggaaggggaa gtttcgcctc agaaggtctc ctgcgtggtc cgaattcggg ggcgccacgt 60
ccgcccgtct ccgccttctg catcgcggtt tcggcggtt ccacctagac acctaacagt 120
40 cgcgagacg gccgcgtcgt gagggggtcg gcacggggag tcgggcggtc ttgtgcatct 180
tggtacactg tgggtcgaag atgtcggaca tcggagactg gttcaggagc atccggcgca 240
tcacgcgcta ttggttcgcc gccaccgtcg ccgtgccctt ggtcggcaaa ctcggcctca 300
tcagcccggc ctacctcttc ctctggcccg aagccttcct ttatcgcttt cagatttgga 360
ggccaatcac tgccaccttt tatttcctcg tgggtccagg aactggattt ctttatttgg 420
45 tcaatttata tttcttatat cagtattcta cgcgacttga aacaggagct tttgatggga 480
ggcagcaga ctatttatc atgctcctct ttaactggat ttgcatcgtg attactggct 540
tagcaatgga tatgcagtg ctgatgatc ctctgatcat gtcagtactt tatgtctggg 600
cccagctgaa cagagacatg attgtatcat tttggtttgg aacacgattt aaggcctgct 660
atttacctg ggttatcctt ggattcaact atatcatcgg aggtcggta atcaatgagc 720
50 ttattgaaa tctggttgga catctttatt ttttcctaat gttcagatac ccaatggact 780
tgaggaggaag aaattttcta tccacacctc agtttttgta ccgctggctg cccagtagga 840
gaggaggagt atcaggattt ggtgtgcccc ctgctagcat gaggcgagct gctgatcaga 900
atggcgagg cgaggagac aactggggcc agggctttcg acttgagac cagtgaaggg 960
gcggcctcgg gcagccgctc ctctcaagcc acatttcctc ccagtgtggt gtgcgcttaa1020
55 caactgcggt ctggctaaca ctgttgacc tgaccacac tgaatgtagt ctttcagtac1080
gagacaaagt ttcttaaatc ccgaagaaaa atataagtgt tccacaagtt tcacgattct1140

```

```

cattcaagtc cttactgctg tgaagaacaa ataccaactg tgcaaattgc aaaactgact1200
acattttttt gtgtcttctc ttctcccctt tccgtctgaa taatgggttt tagcgggtcc1260
tagtctgctg gcattgagct ggggctgggt caccaaacc ttcccaaaag gacccttatc1320
tctttcttgc acacatgcct ctctcccact tttcccaacc cccacatttg caactagaag1380
5 aggttgccca taaaattgct ctgcccttga caggttctgt tatttattga cttttgccaal440
ggcttggtca caacaatcat attcacgtaa ttttcccct ttggtggcag aactgtagca1500
atagggggag aagacaagca gcggatgaag cgttttctca gcttttgaa ttgcttcgac1560
ctgacatccg ttgtaaccgt ttgccacttc ttcagatatt tttataaaaa agtaccactg1620
agtcagttag ggccacagat tggattaat gagatacgag gggtgttgct ggggtgtt1680
10 tccgagtaag tgagaaggtg agtggattga ctac 1714

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 54:

- 15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 1340 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

- 30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

- 35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 54

```

ctcgagccgc tcgagccgaa tcggctcgag ctgaaaaagg gctacctgac cctgtcagac 60
agtggggaca aggtggccgt ggaatgggac aaagaccatg gggtcctgga gtcccacctg 120
gcggagaagg ggagaggcat ggagctatcc gacctgattg ttttcaatgg gaaactctac 180
40 tccgtggatg accggacggg ggctcgtctac cagatcgaag gcagcaaagc cgtgccctgg 240
gtgattctgt ccgacggcga cggcaccgtg gagaaaggct tcaaggccga atggctggca 300
gtgaaggacg agcgtctgta cgtgggcggc ctgggcaagg agtggacgac cactacgggt 360
gatgtggtga acgagaaccc ggagtgggtg aaggtgggtg gctacaaggg cagcgtggac 420
cacgagaact ggggtgtcaa ctacaacgcc ctgcgggctg ctgccggcat ccagccgcca 480
45 ggtaacctca tccatgagtc tgccctgctg agtgacacgc tgcagcgtg gttcttcctg 540
ccgcgcccg ccagccagga gcgctacagc gaggaaggac gacgagcgca agggcgccaa 600
cctgctgctg agcgccctcc ctgacttcgg cgacatcgct gtgagccacg tcggggcggt 660
gggtcccaat cagggttct ctgccttcaa gttcatcccc aacaccgacg accagatcat 720
tgtggccctc aaatccgagg aggcacggc cagagtcgcc tccatcatca tggccttcac 780
50 gctggacggg cgcttcctgt tgccggagac caagatcgga agcgtgaaat acgaaggcat 840
cgagttcatt taactcaaaa cggaaacact gagcaaggcc atcaggactc agcttttata 900
aaaacaagag gagtgcactt ttgttttgtt ttgttctttt tggaactgtg cctgggttgg 960
aggtctggac agggagccca gtcccgggcc ccatagtggt gcgggcaactg gacccccggg1020
ccccacggag gccgcggtct gaactgcttt ccattgctgcc atctggtggt gatttcgggt1080
55 acttcaggca ttgactcaag gcctgcctaa ctggctgggt cgtttcttcc atccgacctc1140
gtttcttttc tttcctatgt tcttttgttc agtgaatgc cctagagctc ctaccatag1200
tcaggcccta tgccctaccc tgagaacgca gtaagcatga aggtggacct ggtttgctgg1260

```



gaacccgagg gctaaccccc tttttcttcc caaatttggt gccttggaag aatcagggtcc1320  
agccctgaag atccttgggg 1340

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:

5

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 765 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

10

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

20

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 55

30 caggattgaa acaagatggc gggttcgtgg tgagaagccg tcaaggagta gaaattggta 60  
tgcttagaag cagattctaa aagcagtttc tcttcagaac atcttttttc ataccacttg120  
ataagcatct tgaaacacca tggctgtagc tgcagtaaaa tgggtgatgt caaagagaac180  
tatcttgaaa catttatttc cagtcacaaa tggagcttta tattgtgttt gtcataaatc240  
tacgtattct cctctaccag atgactataa ttgcaacgta gagcttgctc tgacttctga300  
tggcaggaca atagtatgct accacccttc tgtggacatt ccatatgaac acacaaaacc360  
tatccctcgg ccagatcctg tgcataataa tgaagaaaca catgatcaag tgctgaaaac420  
35 cagattggaa gaaaaagttg aacaccttga ggaaggacct atgatagaac aacttagcaa480  
aatgttcttt actactaagc accgttggtg tcctcatgga cggtatcaca gatgtcgtaa540  
gaatctgaat cctccaaaag acagatgatg cggaggttcc tgggggaatc aaagagaaat600  
gtgcctcatt tgccatttga gaaaatgcag tctgggtgat tcagtaatat atagtaaagt660  
aataatgata aaatatcttt tcatatatta gaatgtgtac ttttatataa agtaattctg720  
40 gatttgacat tctcatttag ggggacctat tccttttttc gtttt 765

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 56:

45

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1647 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 56

```
gcagccggag taagatggcg gcgctgaggg ctttgtgcgg cttccggggc gtcgcggccc 60
aggtgctgcg gcctggggct ggagtcgcat tgccgattca gccagcaga ggtgttcggc 120
15 agtggcagcc agatgtggaa tgggcacagc agtttggggg agctgttatg tacccaagca 180
aagaacacgc ccactggaag cctccacctt ggaatgatgt ggaccctcca aaggacacaa 240
ttgtgaagaa cattaccctg aactttgggc cccaacaccc agcagcgcat ggtgtcctgc 300
gactagtgat ggaattgagt ggggagatgg tgcggaagtg tgatcctcac atcgggctcc 360
tgcaccgagg cactgagaag ctcatgtaat acaagaccta tcttcaggcc cttccatact 420
20 ttgaccggt agactatgtg tccatgatgt gtaacgaaca ggcctattct ctactgtgg 480
agaagtgtct aaacatccgg cctcctcctc gggcacagtg gatccgagtg ctgtttggag 540
aaatcacacg tttgttgaa ccatcatggt ctgtgaccac acatgccctg gaccttgggg 600
ccatgacccc tttcttcttg ctgtttgaag aaaggagaa gatgtttgag ttctacgagc 660
gagtgtcttg agcccgaatg catgctgctt atatccggcc aggaggagtg caccaggacc 720
25 tacccttgat gcttatggat gacatttata agttttctaa gaacttctct cttcggcttg 780
atgagttgga ggagttgctg accaacaata ggatctggcg aaatcggaca attgacattg 840
gggttgtaac agcagaagaa gcacttaact atggttttag tggagtgatg cttcggggct 900
caggcatcca gtgggacctg cggaagaccc agccctatga tgtttacgac caggttgagt 960
ttgatgttcc tgttggttct cgaggggact gctatgatag gtacctgtgc cgggtggagg 1020
30 agatgcgcca gtccctgaga attatcgcac agtgtctaaa caagatgcct cctggggaga 1080
tcaaggttga tgatgccaaa gtgtctccac ctaagcgagc agagatgaag acttccatgg 1140
agtcactgat tcatcacttt aagttgtata ctgagggcta ccaagttcct ccaggagcca 1200
catatactgc cattgaggct cccaaggagg agtttggggg gtacctggtg tctgatggca 1260
gcagccgccc ttatcgatgc aagatcaagg ctccctggtt tgcccatctg gctggtttgg 1320
35 acaagatgtc taaggacac atgttgagc atgtcggtgc catcataggt acccaagata 1380
ttgtatttgg agaagtagat cggtagcag gggagcagc tttgatcccc cctgcctatc 1440
agcttcttct gtggagcctg ttccctcact gaaattggcc tctgtgtgtg tgtgtgtgtg 1500
tgtgtgtgtg tgtgtgtatg ttcatgtaca cttggctgtc aggctttctg tgcattgtac 1560
aaaaaaggag aaattataat aaattagccg tcttgcgccc ctaggcctaa aaaaaaaaaa 1620
40 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaa 1647
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 57:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1166 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 57

10

```

cgccgcctgc gcggggggga gccagcaca gaccgcccgc gggacccga gtcgcgcacc 60
ccagccccac cgcccacccc gcgcgccatg gaccccaagg accgcaagaa gatccagttc 120
tcgggtgccc cgccccctag ccagctcgac ccccgccagg tggagatgat ccggcgagg 180
agaccaacgc ctgccatgct gttccggctc tcagagcact cctcaccaga ggaggaagcc 240
tccccccacc agagagcctc aggaagggg caccatctca agtcgaagag acccaacccc 300
tgtgcctaca caccaccttc gctgaaagct gtgcagcgca ttgctgagtc tcacctgcag 360
tctatcagca atttgaatga gaaccaggcc tcagaggagg aggatgagct gggggagctt 420
cgggagctgg gttatccaag agaggaagat gaggaggaag aggaggatgc agccaggctg 480
aagtcctgaa ggtcatcagg cagtctgctg ggcaaaagac aacctgtggc cagggtctgg 540
20 aagggccctg ggagcgccca cccctctgg atgagtccga gagagatgga ggctctgagg 600
accaagtgga agaccagca ctaagtgagc ctggggagga acctcagcgc cttccccct 660
ctgagcctgg cacataggca cccagcctgc atctcccagg aggaagtgga ggggacatcg 720
ctgttcccc gaaaccact ctatcctcac cctgtttgt gctcttcccc tgcctgcta 780
gggctgcggc ttctgacttc tagaagacta aggtggtct gtgtttgctt gtttgccac 840
25 ctttggtga taccagaga acctgggcac ttgctgcctg atgcccacc ctgccagtca 900
ttcctccatt caccagcgg gagtgggat gtgagacagc ccacattgga aaatccagaa 960
aaccgggaac agggatttgc ccttcacaat tctactcccc agatcctctc ccctggacac1020
aggagaccca cagggcagga ccctaagatc tggggaaagg aggtcctgag aaccttgagg1080
tacccttaga tccttttcta cccactttcc tatggaggat tccaagtcaa catttgtctg1140
30 aacggcttgt aacagggttc aggttg 1166

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 487 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 58

```

ctcagatcgg tggacgtgct cgcctccact cggggccagg tctatgtccc ggtttcccgc 60
agtcgcgggc agggcgccaa ggcggcagga ggagggtgag cgggtcaagag acctccaggal20
agagcgggctc tcggctgttt gcatcgccga tagagaagag aaaggatgca cgtcccaggal180
5 gggagggaact actccaactt ttcctattca gaaacaaaga aaaaagatta ttcaagctgt240
gagggacaat tcattcctta ttgttactgg aaatacagga agtggtaaaa caactcaact300
cccaaaatat ctatatgaag cagggttttc acaacatggt atgattgggtg taactcaacc360
acgaaaagta gctgctatat cagttgctca gagagtagct gaagaaatga aatgcacttt420
gggatccaaa gtaggatacc aagttcggtt tgatgattgc agttctaagg agacagcaat480
10 caaatat 487

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 15 (A) LÄNGE: 1630 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:
- 30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 59
- 35 aaactgtgta atgccccatg taatccataa aattttaact tttccccta acgtttttgc 60  
tgaaaaatgt tgggaaaccc tcaacacgcc ttcctgaaaa caattaaaa acttgaaacc 120  
tgtgaacctt tcaaaaaaac ctcagggttg gaaaagaccc ccaaaccttc ttttaaggat 180  
catttgtctc gccatcaca ggatcttggg aatgtttccc tagggtgtgt aaaaattaac 240  
40 ccagggggga atgaagcaca tttttctggc aaccaaactt gagttcctca gagaacagat 300  
gcagagagac ctgctcctgc ttgcccggtt acaggggcca ctgtggagtc aactgaggc 360  
tgtgaccggc cataagccca ggagagcccg tggcagctgt gccgaggcgc caggacctct 420  
aagcggaagc ttcccaagct aggaatggag caacactgca atgaaatgtg tccaccaagc 480  
tcattgttcc tcccgggtgc ttataaagct cagatgtata gtgacgtatg gacaaataca 540  
45 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa gcctttcttt ctacaggca taagacacaa 600  
attatatatt gttatgaagc actttttacc aacggtcagt ttttacattt tatagctgcg 660  
tgcgaaaggc ttccagatgg gagaccatc tctcttgtgc tccagacttc atcacaggct 720  
gctttttatc aaaaagggga aaactcatgc ctttctttt taaaaaatgc tttttgtat 780  
ttgtccatac gtcactatac atctgagctt tataagcgcc cgggagggaac aatgagcttg 840  
50 gtggacacat ttcattgcag tgttgctcca ttcctagctt gggaagcttc cgcttagagg 900  
tcctggcgcc tcggcacagc tgccacgggc tctcctgggc ttatggccgg tcacagcctc 960  
agtgtgactc cacagtggcc cctgtagccg ggcaagcagg agcaggctct cctgcatctg1020  
ttctctgagg aactcaagtt tggttgccag aaaaatgtgc ttcattcccc cctgggttaat1080  
ttttacacac cctaggaac atttccaaga tcctgtgatg gcgagacaaa tgatcctta1140  
55 agaaggtgtg ggggtctttc caacctgagg atttctgaaa gggtcacagg ttcaatat1200  
aatgcttcag aagcatgtga gggtcccaac actgtcagca aaaaccttag gagaaaact1260

aaaaatatat gaatacatgc gcaatacaca gctacagaca cacattctgt tgacaagggal320  
 aaaccttcaa agcatgtttc tttccctcac cacaacagaa catgcagtac taaagcaatal380  
 tattttgtgat tccccatgta attcttcaat gttaaacagt gcagtcctct ttcgaaagct1440  
 aagatgacca tgcgcctttt cctctgtaca tataccctta agaacgcccc ctccacacac1500  
 5 tgccccccag tatatgccgc attgtactgc tgtgttatat gctatgtaca tgtcagaaac1560  
 cattagcatt gcatgcaggt ttcataattct ttctaagatg gaaagtaata aaatatattt1620  
 gaaatgtacc 1630

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 60:

10

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1272 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

25

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 60

tgcgcgcgag cccgtgtccc cacggcgggc agcagcggcg gcggcggcgg ctgaacgcgg 60  
 agggggcgga gggagcccg gcggcggcga gcagctacag cgaaatggcg gagaccgtgg 120  
 35 ctgacacccg gcggctgac accaagccgc agaacctgaa tgacgcctac ggacccccca 180  
 gcaacttcct cgagatcgat gtgagcaacc cgcaaacggt gggggtcggc cggggccgct 240  
 tcaccactta cgaaatcagg gtcaagacaa atcttcctat tttcaagctg aaagaatcta 300  
 ctgttagaag aagatacagt gactttgaat ggctgcgaag tgaattagaa agagagagca 360  
 aggtcgtagt tccccgctc cctgggaaag cgtttttgcg tcagttcctt tttagaggaga 420  
 40 tgatggaata tttgatgaca attttattga ggaaagaaaa caagggctgg agcagtttat 480  
 aaacaaggtc gctggtcatc ctctggcaca gaacgaacgt tgtcttcaca tgtttttaca 540  
 agatgaata atagataaaa gctatactcc atctaaaaa agacatgcct gaaatttggc 600  
 aagaaggggc aaaaacgtga ctattaatga ttgataagca ccagtgaaga agttctaact 660  
 tttagcatgc tgcacagaaa ctggtataac atgccttcag tatactaaca ctcatatgct 720  
 45 cagttttgtt ttgttttggc agttgacaag aagttaattt gcttttagtaa aaatccctca 780  
 ttccagcctt tctatataaa tagctctttc ttgctgtttt aatgtggtgc acactatagc 840  
 ctcacaaacc tgttattcca gtgtaatctg cagtgtcgtg actaaaagta ctggcttggg 900  
 cttatttgca cagtttttgc gtcttgtttg cttcttgcac ctgatttaact agaataattc 960  
 tctttccccc ttttaatttg tgatgtcact tgacccatt tatgtgtagg agcactacac1020  
 50 cattggtttc caatactgca cacataagat acatacttgt gtgcagaaag tatcttcctc1080  
 caggcttgta atacccttca catggaagat taatgaggga aatctttata ttctgtataa1140  
 aaacaaaagc aaatttatat actaaaatca tttgtctaaa aatttaagtt gttttcaaat1200  
 aaaaattaaa atgcatttct gatatgcaaa aaaaaaaaaa aagaaaaaga aaaaaagagg1260  
 55 ggcgcccgct ct 1272

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 61:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 1914 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

20

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 61

25 tgcagcgcgt gcgtgctgcg ctactgagca ggcacatgga ggactctgaa gcactgggct 60  
 tcgaacacat gggcctcgat ccccgctcc ttcaggctgt caccgatctg ggctgggcgc 120  
 gacctacgct gatccaggag aaggccatcc cactggccct agaagggaag gacctcctgg 180  
 ctggggcccg cacgggctcc gggaagacgg ccgcttatgc tattccgatg ctgcagctgt 240  
 tgctccatag gaaggcgaca ggtccggtgg tagaacaggc agtgagaggc cttgttcttg 300  
 30 ttctaccaa ggagctggca cggcaagcac agtccatgat tcagcagctg gctacctact 360  
 gtgctcggga tgtccgagtg gccaatgtct cagctgctga agactcagtc tctcagagag 420  
 ctgtgctgat ggagaagcca gatgtggtag tagggacccc atctcgcata ttaagccact 480  
 tgcagaaga cagcctgaaa cttcgtgact cctggagct tttgggtggt gacgaagctg 540  
 accttctttt ttcttttggc tttgaagaag agctcaagag tctcctctgg gaaggcagag 600  
 35 tcaattgccc cggatttacc aggtctttct catgtcagct acttttaacg aggacgtaca 660  
 agcactcaag gagctgatat tacataaccc ggttaccctt aagttacagg agtcccagct 720  
 gcctgggcca gaccagttac agcagtttca ggtggtctgt gagactgagg aagacaaatt 780  
 cctcctgctg tatgccctgc tcaagctgtc attgattcgg ggcaagtctc tgtcttttgt 840  
 caacactcta gaacggaggt accggctacg cctgttcttg gaacagttca gcatccccac 900  
 40 ctgtgtgctc aatggagagc ttccactgcg ctccaggtgc cacatcatct cacagttcaa 960  
 ccaaggcttc tacgactgtg tcatagcaac tgatgctgaa gtcctggggg cccagtc aa1020  
 gggcaagcgt cggggccgag ggcccaaagg ggacaaggcc tctgatccgg aagcaggtgt1080  
 ggcccggggc atagacttcc accatgtgtc tgctgtgctc aactttgatc ttcccccaac1140  
 ccctgaggcc tacatccatc gagctggcag gacagcacgc gctaacaacc caggcatagt1200  
 45 cttaaccttt gtgcttccca cggagcagtt ccacttaggc aagattgagg agcttctcag1260  
 tggagagaac aggggccccca ttctgctccc ctaccagttc cggatggagg agatcgaggg1320  
 cttccgctat cgctgcaggg atgccatgcy ctcagtgact aagcaggcca ttcgggaggc1380  
 aagattgaag gagatcaagg aagagcttct gcattctgag aagcttaaga catactttga1440  
 agacaaccct agggacctcc agctgctgcg gcatgacctt cctttgcacc ccgcagtggt1500  
 50 gaagccccac ctgggcatg ttctgacta cctggttctt cctgctctcc gtggcctgg1560  
 acgccctcac aagaagcggg agaagctgtc ttctcttgt aggaaggcca agagagcaaa1620  
 gtcccagaac ccactgcgca gcttcaagca caaaggaaag aaattcagac ccacagccaa1680  
 gccctcctga ggttgttggg cctctctgga gctgagcaca ttgtggagca caggcttaca1740  
 cccttcgtgg acaggcgagg ctctggtgct tactgcacag cctgaacaga cagttctggg1800  
 55 gccggcagtg ctgggcctt tagctccttg gcacttccaa gctggcatct tgccccttga1860  
 caacagaata aaaattttag ctgccccaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaa 1914

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 62:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 5 (A) LÄNGE: 608 Bas npaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:
- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 62

25 aatggaacca ggaattctta attaagcccg aagttcccaa gtctccttag cggaaaccgg 60  
aaattgcca aggaaagcaa agaggagat gaccagtgat acctccagtg ccagaggta120  
ctttgtggag ccaaatgctg gacatgggca gtcgagactc ggcatcttct gtccccgc180  
ttaatgactc tcaggaagga ggatgtaatt caaggcaagt ttctaattcc gaagctgcct240  
30 gttcatgtta acaggacttc tttttattcg tcaagatgta ctggttcctt ggcaccttaa300  
gggaaatcct gataaaggca aacctgttga gccatttggt cccataggat cccaggaccc360  
aagtcctgtg tttcatcgtt actaccatgt gttccgtgag ggagaactgg aaggtgcctg420  
caggactgtg agtgatgtca gaattctgca aagctactac gatcaaggaa actggtgtgt480  
gattcttcaa aaggcctgat tatttacctg aacacatcat atataaagaa gaaatgctca540  
35 cttaaaaaaa aaagagggga taaattaatt acccgtttaa ttaaagagaa aacttgtggg600  
gaagtacc 608

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 63:

- 40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- (A) LÄNGE: 2674 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
45 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- 50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 63

```

10 tgaagagaag ttaaggtgaa gagccgaaga gcctgatgcg tgatgagcgt ctaagaaagg 60
   agaagcaaga gcagagaaga gagagagaaa gaacgggaga gagaaaggga agaaagagaa 120
   aggaaaagac gaaggggaaga ggaagaaaaga gaaaaagaaa gggctcgtga cagagaaaga 180
   agaaagagaa gtcgttcacg aagtagacac tcaagccgaa catcagacag aagatgcagc 240
   aggtctcggg accacaaaag gtcacgaagt agagaaaaga ggcggagcag aagtagagat 300
15 cgacgaagaa gcagaagcca tgatcgatca gaaagaaaac acagatctcg aagtcgggat 360
   cgaagaagat caaaaagccg ggatcgaaag tcatataagc acaggagcaa aagtcgggac 420
   agagaacaag atagaaaatc caaggagaaa gaaagagggg gatctgatga taaaaaagt 480
   agtgtaagt ccggtagtcg agaaaagcag agtgaagaca caaacactga atcgaaggaa 540
   agtgatacta agaagtaggt caatgggacc agtgaagaca ttaaatctga aggtgacact 600
20 cagtccaatt aaaactgatc tgataagacc tcagatcaga cagaggtaag tgtattgttt 660
   ctactttga ttagggtctt ttgttactgt ttgacagtgc agcgtaagta tgcacagatg 720
   aatctggaac taagccgagt aagaagacat acaaaaagcct cttctgaagg aaaagacagt 780
   gtagtcctgc aaacattttt gaggtacatt gttttgtctc agctattttg tagcagactc 840
   gtgccccat tagtgtgcct ctttgaaat tatcgccac atttgtaata tagtcgccat 900
25 tgaaaagtta attatccttt ttttagggat tttgatgtca tttctttttt ttttttaata 960
   aaaaggttga actgtttttt tttttctttt tggatattaag tccatcttgt gttggtacat1020
   tggcagagac atatgcttta aaaacttaaa tatttcggag gcacatgttg gactactttg1080
   ttttaattaa actgctagta tttctttgtc aaggatgttt ctagtttttt gctttattgc1140
   cttgcattct aatgcagttt gttctgtaac tcgagagcca gtagcattgg attgatggaal200
30 gtgtagggtt tatgaattat tgcagctgac taccatacct cacacagcgt tgggtgtgtg1260
   agcggcccat gaaaagccaa attaaaaatc aaggattcag tcaaaactaag caggactactca1320
   tgccaggtagc tcctttctct acccacatcc atgtttgaat gctattgcct gtgatcttta1380
   cgcttaactg ttgtgtatct tttttgttct ttacaagaag tgcagagggg tttttgtgt1440
   attgctgtaa aacttataaa acaaatgtta acagaatgga attttttttc aactgtatgt1500
35 agggctgcag tgggtggccag aattagatat ctttaaagaa ttttaaatac aataaaact1560
   tcattattt cgccttgtaa cactcaatgc aattctcaag tctataagag gtatgtgctt1620
   aatatttctt actgtgtagg agaatttgca gtcagccata ggtatgtagg aatagtcact1680
   cactggctga tacattttaa gcagcagtgat gaatagcaag gacagacacc ttcaatttgt1740
   gaaatcaaag aactgatgca ctatatagaa cgaatttggt tttttaaaga aatattaaaa1800
40 gttaggtact gtaagtgttc ttaaaacctg taaacttcat tctgtgggct agtgggtgtg1860
   gacaaaatat tcctaatgaa aggaagtacc aattagttga tttgttggtg gcattcccct1920
   tttgggaaag caatgtaagg ttatgtctgt gtatgtcatt cacacttagg caagcataca1980
   caggcacatg gctttaagaa ccacactgat gccttgataa ttaaaaagaa tacaagcatt2040
   ccattgtacac atgttaatta gcagtttagtg actgggccaa cactttctca taaaaattgg2100
45 ccttttacat gttgtctaata tatcattttt ccccaaattt tgcgtttag gactactgtt2160
   cgaagatttt tggagaataa ctgagaacgg cataaagtga agatcgacat ttaaaaaatg2220
   aggtgaaaga aagctatagt ggcatagaaa aagtataaag ctcagttagt ttttttatta2280
   ttattattat taaaagttaa ttcaggactg atgtgacctc ccagatttca gaacatgtgt2340
   taatagtata tatgccactg aaaacttagg tcctgtatca tacttttttc ttttaagactt2400
50 ttttaagaaat attactttaa catgtggcct gctcagtggt taattgcaag ttttcaatct2460
   tggactttga aaacaggatt aaacgttagt attcgtgtga atcagactaa gtgggatttc2520
   atttttacaa ctctgctcta cttagccttt ggatttagaa gtaaaaaata agtatctctg2580
   actttctgtt acaaagttga ttgtctctgt cattgaaaag ttttagtatt aatctttttc2640
   taataaagtt attgactctg aaaaaaaaaa aaaa
                                                                 2674
55

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 64:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:



- (A) LÄNGE: 326 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 64

gacaaatgag ggtttgcat gcagctcgtc atcttaagag ttactatctt cttgccctgg 60  
tgtttcgccg ttccagtgcc ccctgctgca gaccataaag gatgggactt tggtgagggc120  
tatttccatc aatttttcct gaccgagaag gagtcgccac tccttaccce ggagacacaal80  
25 acacagctcc tgcaacaatt ccatcggaat gggacagacc tacttgacat gcagatgcat240  
gcttctgcta cagcagcccc actgtggggg gcctgatggg tccgacaact gcctctcgcc300  
aggaagatgc aagtggatta agcaca 326

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 65:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 888 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

35

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

50

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 65

```

ctcgtgcggt gatgttgagc agaagataca attcaaaaaga gaaacagcca gtttgaaact 60
gttaccocac cagccccgaa ttgtggagat gaagaaagga agcaatggct atgggtttcta120
tctgagggca ggctcagaac agaaagggtca aatcatcaag gacatagatt ctggaagtcc180
5 agcagaggag gctggcttga agaacaatga tctggtagtt gctgtcaacg gcgagtctgt240
ggaaccctg gatcatgaca gtgtggtaga aatgattaga aagggtggag atcagacttc300
actgttggtg gtagacaaaag agacggacaa catgtacaga ctggctcatt tttctccatt360
tctctactat caaagtcaag aactgcccac tggctctgtc aaggaggctc cagctcctac420
tcccacttct ctggaagtct caagtccacc agatactaca gaggaagtag atcataagcc480
10 taaactctgc aggctggcta aagggtgaaaa tggctatggc tttcacttaa atgcgattcg540
gggtctgcca ggctcattca tcaaagaggt acagaagggc ggtcctgctg acttggtgg600
gctagaggat gaggatgtca tcattgaagt gaatggggtg aatgtgctag atgaacccta660
tgagaagggtg gtggatagaa tccagagcag tgggaagaat gtcacacttc tagtctgtgg720
aaagaaggcc tatgattatt tccaagccta agaaaatccc tattgttccc tgcctggctg780
15 atgccagttg acagccctgc aggttctaaa gaaggaatag tgggtggagtc aaaccatgac840
tcgcacatgg caaaagaacg ggcggctatt gcagacggct aatttatg 888

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 66:

20

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 202 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

25

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

35

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 66

```

atcacagggg tacaaccaga acacatacag tacttgaaaa attatttcca cctttggaca 60
cgacagttag cgcatattta tcactactat attcatggcc caaaaggaaa tgaaatacga120
45 acatcaaaaag aagttgaacc tttcaacaat attgatattg aaatttctat gtttgaaaaa180
gggaaggtag ctaagattgt ca 202

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

50

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1225 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

15

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 67

```

20  ggccggtgga ggccggcggt gcggcacgga aggggaagcg ctgaggcggt ggggccca 60
    gccatggcgg agctgttgca ggaggagctc tcggctctgg ccgcgatttt ctgcaggccc 120
    cacgagtggg aggtgctgag ccgctcagag acagatggga ccgtgttcag aattcacaca 180
    aaagctgaag gatttatgga tgcggatata cctctggaat tgggtgtcca ttgccaagtc 240
    aattatcctt catgtctacc tggatatctg attaactctg aacagttgac cagggcccag 300
    tgtgtgactg tgaaagagaa gttacttgag caagcagaga gccttttgtc ggagcctatg 360
25  gttcatgagc tggttctctg gattcagcag aatctcaggc atatcctcag ccaaccagaa 420
    actggcagtg gcagtgaata gtgtactttt tcaacaagca cgaccatgga tgatggattg 480
    tggataactc ttttgcattt agatcacatg agagcaaaga ctaaataatg caaaattgtg 540
    gagaagtggg cttcagattt aaggctgaca ggaagactga tgttcatggg taaaataata 600
    cttgatttta ctacaggagg acagaaacaa cctcaagggt tacttgattc ttcagaaaac 660
30  ctccaaagta gatgtggact caagtggaaa gaaatgcaaa gagaaaatga ttagtgtact 720
    gtttgaaaca aaagtacaga cagaacacaa aagggttctg gcatttgaag tcaaagagta 780
    ttcagcgttg gatgaattac aaaaggaatt tgaaactgca ggacttaaga agcttttctc 840
    cgaatttgta cttgctctgg taaaatgaaa tggaaagacag gaatctttta gtaaaatagc 900
    agtgtttttt gttgtttttg cattggattt ggggagtggg taattgaaat agtcaatttt 960
35  aaagtttctc tgaagcaaaa tgataggcat cattctaact tcaggaacaa aagccagttc 1020
    tgttttatga aatattaaac atgaagaaaa cttgtatatt ctaatgtttg ccaggaaaagg 1080
    ctaggttcag tagatgagac attatttaaa agataaattt aaaaagatgg taaatgaacal 1140
    cttgttttta tagacaatat ttgtttgaaa ctatgttaatt ttctggctaa ttttctgtal 1200
    attaaatgat tttttaaaaa aagaa                                     1225
40

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

45

(A) LÄNGE: 1093 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 68

10

```
gagggcgggc ctgtttccgg ggaggcgcggt ggggcttgag gccgagaacg gcccttgctg 60
ccaccaacat ggagactttg taccgtgtcc cgttcttagt gctcgaatgt cccaacctga 120
agctgaagaa gccgccctgg ttgcacatgc cgtcggccat gactgtgtat gctctggtgg 180
tggtgtctta cttcctcatc accggaggaa taatttatga tgttattggt gaacctccaa 240
15 gtgtcggttc tatgactgat gaacatgggc atcagaggcc agtagctttc ttggcctaca 300
gagtaaatgg acaatatatt atggaaggac ttgcatccag cttcctatatt acaatgggag 360
gttttaggttt cataatcctg gaccgatcga atgcacaaaa tatcccaaaa ctcaatagat 420
tccttcttct gttcattgga ttogtctgtg tcctattgag ttttttcatg gctagagtat 480
tcatgagaat gaaactgccg ggctatctga tggggttagag tgcctttgag aagaaatcag 540
20 tggatactgg atttgctcct gtcaatgaag ttttaaaggc tgtaccaatc ctctaataatg 600
aaatgtggaa aagaatgaag agcagcagta aaagaaatat ctagtgaaaa aacaggaagc 660
gtattgaagc ttggactaga atttcttctt ggtattaaag agacaagttt atcacagaat 720
tttttttctt gctggcctat tgctatacca atgatgttga gtggcatttt ctttttagtt 780
tttcattaaa atatatcca tatctacaac tataatatca aataaagtga ttatttttta 840
25 caaccctctt aacatttttt ggagatgaca tttctgattt tcagaaatta acataaaatc 900
cagaagcaag attccgtaag ctgagaactc tggacagttg atcagcttta cctatggtgc 960
tttgctttta actagagtgt gtgatggtag attatttcag atatgtatgt aaaactgttt1020
cctgaacaat aagatgtatg aacggagcag aaataaatac tttttctaata taaaaaaaaa1080
aaaaaaaaaa aaa 1093
```

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 69:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 309 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 69

cacaaagtga ttgtggtatg gaacaatatt ggagagaagg caccagatga gttatggaat 60  
 tctctagggc cccaccctat ccctgtgatc ttcaaacaac agacagcaaa caggatgaga120  
 aatcgactcc aggtctttcc tgaactggaa accaatgcag tggtgatggg agatgatgac180  
 acactcatca gcaccccaga ccttggtttt gctttctcag tttggcagca atttcctgat240  
 5 caaattgtag ggatttggtt cctagaaagc acgtctttta ctttcattca aggtatctac300  
 agttattgg 309

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 70:

### 10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 380 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

25

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### 30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 70

ctcatctgat cccttttatg gccaaatcat ccttcagagt agggaacact cagacattct 60  
 gtgcatgttg ttcccccaaa gcatggatc cacaagtcc tgagttctgg tgtgtgctcc120  
 cgctcctgg gtatacagag agaaggcagg aatcaggagt tccagaagca tatacatgtg180  
 35 gctaccccag caacaagcgg catcctgtgc tcagataagc tgcatggttg ggaagtgttt240  
 ttctctgcac gttgaggctt agtggagatg ggcaccactg ccatttgctc agaagaaggc300  
 tggctggtc ctaactgcat cccacactgc ccagatcatt ctagataggt tattttctga360  
 atgtttatag atttcttata 380

## 40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 71:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1253 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

50

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 71

```

10  gcgggcccgac tccagttagg agccttgatg ccggagggga cagtgggtcg ccgagagcgc 60
    ccggagggaa ccgcctggcc ttcggggacc accaattttg tctggaacca ccctcccggc 120
    gtatcctact ccctgtgccg cgaggccatc gcttcactgg aggggtcgat ttgtgtgtag 180
    tttggtgaca agatttgcat tcacctggcc caaacctttt ttgtctcttt gggtgaccgg 240
15  aaaactccac ctcaagtttt cttttggtgg gctgcccccc aagtgtcggt tgttttactg 300
    taggggtctcc ccgcccggcg cccccagtgt tttctgaggg cggaaatggc caattcgggc 360
    ctgcagttgc tgggcttctc catggccctg ctgggctggg tgggtctggt ggctgcacc 420
    gccatcccgc agtggcagat gagctcctat gcgggtgaca acatcatcac ggcccaggcc 480
    atgtacaagg ggctgtggat ggactgcgtc acgcagagca cggggatgat gagctgcaaa 540
20  atgtacgact cgggtgctcgc cctgtccggc gccttgagg ccactcgagc cctaattggtg 600
    gtctccctgg tgctgggctt cctggccatg tttgtggcca cgatgggcat gaagtgcacg 660
    cgctgtgggg gagacgacaa agtgaagaag gccgtatag ccatgggtgg aggcataatt 720
    ttcactcgtg cagggtcttg cgccttggtg gcttgctcct ggtatggcca tcagattgtc 780
    acagactttt ataacccttt gatccctacc aacattaagt atgagtttgg ccctgccatc 840
25  tttattggct gggcagggtc tgcctagtc atcctgggag gtgcactgct ctctgttcc 900
    tgtcctggga atgagagcaa ggctgggtac cgtgcacccc gctcttacc taagtccaac 960
    tcttccaagg agtatgtgtg acctgggata tccttgcccc agcctgacag gctatgggag1020
    tgtctagatg cctgaaaggg cctggggctg agctcagcct gtgggcaggg tgccggacaa1080
    aggcctcctg gtcactctgt ccctgcactc catgtatagt cctcttgggt tgggggtggg1140
30  ggggtgccgt tgggtgggaga gacaaaaaga gggagagtgt gctttttgta cagtaataaa1200
    aaataagtat tgggaaacaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaa 1253
  
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 72:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 439 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 72

```

5   ctaaggggag gacaggcaga aaccaggaat gccaaacttaa acctgtttgg tgctctgact 60
    gtttgttagt atcactctca agaataaga gaaacctcaa cttttctgtt tccggccaac120
    tttattgaat ttgttttttt aaatgcagtt tacatgcagt ttctttgaaa agtcatgttg180
    aatttagatc tgttctctga gtaagacttg gcgagtatgt gaaacttgac tcaagttaca240
    tttctttttt tctgtccccc aaacgttcac gcttcttata ggctccactt tgaggctctg300
    atgaacattc cagtgcgtgt gttggatgtc aatgatgatt ttgctgagga agtaaccaa360
10  caagaagacc tcatgagaga ggtgggaagg actttaactc ctgtttttct ggtggtttcc420
    ctttggttgt accttttaa                                439

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 73:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 15 (A) LÄNGE: 1252 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:
- 30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 73

```

35  tggacctgcc cgacgccctg ctgcccgact tgcccgcgct ggtgggcccc aagcagctga 60
    tcgtgctggg aaacaaagtg gacctcctgc cccaggatgc tcctggctac cggcagaggc 120
    tgccgggagc actgtgggag gactgtgccc gcgccgggct cctgctggcc cctggcacca 180
    agggccacag cgccccgtca aggacgagcc acaggacggg gagaatccga atccgccgaa 240
40  ctgggtccgc acagtgggtca gggacgtgcg gctgatcagc gccaagaccg gctatggagt 300
    ggaagagttg atctctgccc ttcagcgctc ctggcgctac cgtggggacg tctacttagt 360
    gggcgccacc aacgcgggca aatccactct cttaaacacg ctctggagt cagattactg 420
    cactgccaaag ggctccgagg ccacgcagag agccaccatc tccccttggc caggctactac 480
    attaaacctt ctgaagtttc ctatttgcaa cccaactcct tacagaatgt ttaaaaggca 540
45  tcaaagactt aaaaaagatt caactcaagc tgaagaagat cttagtgagc aagaacaaaa 600
    tcagcttaat gtcccaaaa agcatgggta tgcgtagga agagtggaa ggacattctt 660
    gtattcagaa gaacagaagg ataaccattc ctttgagttt gatgctgatt cactgtcctt 720
    tgacatggaa aatgaccctg ttatgggtac acacaaatcc accaaacaag tagaattgac 780
    tgcacaagat gtgaaagatg cccactgggt ttatgacacc cctggaatta caaaagaaaa 840
50  ttgtatttta aatcttctaa cagaaaaaga agtaaatatt gttttgccaa cacagtccat 900
    tgttccaaga acttttgtgc ttaaaccagg aatggttctg tttttgggtg ctataggccg 960
    catagatttc ctgcagggaa atcagtcagc ttggtttaca gtcgtggctt ccaacatcct1020
    ccctgtgcat atcacctcct tggacagggc agacgctctg tatcagaagc atgcagggtca1080
    tacgttactc cagattccaa tgggtggaaa agaacgaatg ggcaggattt cctcctcttg1140
55  ttgctgaaga cattaatggt taaaagaaag gactgggggc aacctggaag cagtgggccg1200
    acatcaaagt ttcctctgca ggtaatttta tgccaagcac tttttaaaaa gt 1252

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:

## 5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 695 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 74

30 tgttcattgc ctctgagcg tagtccagtt actttcaggc tcggggagtg aaggcctcgt 60  
 tgagagaagg tctcattcgg tgttttgga agagagtcgt gtgggccag gtatcgtagc120  
 ggcgacacga gagagacggg cgggtgtgaca gccttccact acctgcacga gtgtattggt180  
 ctgtctgcta tcagctatgc cgctgcccgt tgcgctgcag acccgcttgg ccaagagagg240  
 catcctcaaa catctggagc ctgaaccaga ggaagagatc attgccgagg actatgacga300  
 tgatcctgtg gactacgagg ccaccagggt ggagggccta ccaccaagct ggtacaaggt360  
 gttcgaccct tctgcgggc tcccttacta ctggaatgca gacacagacc ttgtatcctg420  
 gctctcccca catgaccca actccgtggg taccaaatcg gccaaagaag tcagaagcag480  
 35 taatgcagat gctgaagaaa agttggaccg gagccatgac aagtcggaca ggggccatga540  
 caagtcggac cgcagccatg agaaactaga caggggccac gacaagtcag accggggcca600  
 cgacaagtct gacagggatc gagagcgtgg ctatgacaag tccaggaacg ggattcggga660  
 ccgcgggtat gaccaagcag accgggaaga gggcc 695

## 40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 75:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2514 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

45

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN



(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 75

10

cggcgcacggc gcggggggcag ctgggaatcc ggaatgctgc ccgatggccc tgggtcctcg 60  
ctgtggggca atccgggctt gcagacgagt tttagaaaga gcgttttcgc tacgtaaagc 120  
acattcgata aaggatatgg aaaatacttt gcagctgggt agaaatatca tacctcctct 180  
gtcttccaca aagcacaag ggcaagatgg aagaataggc gtagttggag gctgtcagga 240  
15 gtacactgga gcccataatt ttgcagcaat ctgagctctc aaagtgtgac agccccaatg 300  
ctgttcatga ggtggagaag tggctgcccc ggctgcatgc tcttgtcgta ggacctgggt 360  
tggttagaga tgatgcgctt ctcagaaatg tccagggcat tttggaagtg tcaaaggcca 420  
gggacatccc tgttgtcatc gacgcggtga gttgacttct ctctcctgg ctcggactcc 480  
cggaaggcct gtgcagttag cagggctcct tgttctgtgc aggatggcct gtggtagggt 540  
20 gctcagcagc cggccctcat ccatggctac cggaaggctg tgctcactcc caaccacgtg 600  
gagttcagca gactgtatga cgctgtgtc agaggcccta tggacagcga tgacagccat 660  
ggatctgtgc taagactcag ccaagccctg ggcaacgtga cgttgggtcca gaaaggagag 720  
cgcgacatcc tctccaacgg ccagcaggtg cttgtgtgca gccaggaagg cagcagccgc 780  
aggtgtggag ggcaaggga cctcctgtcg ggctccctgg gcgtcctggt aactgggcg 840  
25 ctcttctgtg gaccacagaa acaaatggg tccagccctc tcctggtggc cgcgtttggc 900  
gcctgtctc tcaccaggca gtgcaaccac caagccttcc agaagcacgg tcgtccacc 960  
accacctccg acatgatcgc cgaggtgggg gccgccttca gcaagctctt tgaacctga 1020  
gcccgcgcag accagaagta aacaggcacc ttggacgggg gagagcgtgt gtgtgatgg 1080  
aaaatccgga ccacgcgtg tgctgaaggc gtacggtgct tgccagattt tcaacttgag 1140  
30 cataaattgg ttgccattga gaatttaaga atctggaata ttgcagcttt tgggtaaact 1200  
taatgcatgg ttggagatgt tatggcgaca ctaaacaaag tattcctgaa ctttcttag 1260  
ctccttggtg gtaactggga agacagaaat gaagaaaatc acatgagaat gaagaattct 1320  
ttagcagctc aacagagttt ctgggcctgc tccagatcgc gcgaagtctt tacttgttac 1380  
tctctctgcc ggcgcccttc gttcctcctc tgcttccctt ccctagtcct tcctccggca 1440  
35 gggagctggg caggggtccc cgggtgtctc cctgagtcct gactgactg actgggtcca 1500  
tcagagggt gcttcgttct ccagctcatc ttcttttaaa gtggtgacta gcttgggtgg 1560  
atctggctgc ttgtgtttgg cttattgaca tactccaggg taatcaatga tgactttgtt 1620  
tggaaccctt ttggaggca ccatgggaac agaaggaaac atgagtgcgc ctgacccttg 1680  
agtgtgtggg tggggagctc tgagacgcct cctgtccac gctctccgt gtccgtgtct 1740  
40 acacaggggt ccccatgata ccacccggcc ccagcagggc agaccggacc ggggacgggc 1800  
acggtgaagg gctgcagcct ggggtctgac gtggccctta gtgctgtctc aggagaaggc 1860  
tctggaggac ttgaggcatg ctgggcctgg tgcaagtat gcgctaagga gaccgggga 1920  
aagacagtat cgtggtcacg tatgcttagg aagcagcaca gccgtgtcct tagggatgtt 1980  
cgcgctccag aaagacactg gtaactgcgg tttagccaa cactcttcat ggcagtgtcg 2040  
45 acctcgggtt agcttctgtt gtctttgtgg atggttttcc tggagcggcc tgacgttgac 2100  
gtgttctctg gtcccatgtc ttagcggggc atggtacggt ttcgtgcctg acgctgcat 2160  
tagggtgttc tcttatactt tcagtagcat ctttccacag caagggccaa accctcctgg 2220  
ttcccttcag agtctttttg gcctgatgat gactcttgag tgataacctg tgatgcagac 2280  
atgcccaga tggattctac tttcttttaa actagggaact ttcaagatta aaaaaaagat 2340  
50 gtgctactact aatttgacgc ctaacttcag aagcttcaact gtctacatgt gaacttttcc 2400  
agaaaaactg tgccatggac atttttctc tggggaatta acatctaaat tctggttaact 2460  
attaaaagac agatctgggtt aattttaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaataaa aaaa 2514

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 76:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 274 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

- (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 76

20 cagagatctg ctgtgattat tccttttcac aaaccacaat gactctggaa aacctggctg 60  
taaacaccag cactgccacc agctaaggat ctgtgatcag gactgccatc tcacggtaac120  
aggcagaaga caaaagtga accgggctga tgcgaatcac tgggaaactg gctttggcac180  
ctccagagaa tgaactgtt catagcctag ctgaccatcc atgaaaatgg ctgcctggag240  
aggcagtgat cagcccattc cctgcaaggt gaag 274

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 77:

- 30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 449 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 77

50 cggttttagc ggcagctctt cgggattgtt tccattgcc aacctaccgt gctggcctat 60  
gaacggtaca ttgcgtggt ccatgccaga gtgatcaatt tttcctgggc ctggagggcc120

attacctaca tctggctcta ctactggcg tgggcaggag cacctctcct gggatggaac180  
aggtacatcc tggacgtaca cggactaggc tgcactgtgg actggaaatc caaggatgcc240  
aacgattcct cctttgtgct tttcttattt cttggctgcc tgggtgggtgcc cctgggtgtc300  
5 atagccatt gctatggcca tattctatat ttccattcga atgcttcgtt ggtgtggaag360  
atcttcagac aattcaagt atcaagattt taaaatatga aaagaaactg gccaaaatgt420  
gcttttaatg atattcacct tcctggtcg 449

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 78:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 346 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

25

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 78

atataacatc tgaattggga gatagctcat tgtggcctgg gtgctggact tttcatatta 60  
agtcctgtct tagccaaggg agaagaatgt aaggataaga ccaccaatat cacaggggct120  
35 gtctgagcct ttacctgtga ttttgtacca ctctgtggcc ttctggagca atggacaacc180  
aagtcagcta tgcagttcat aaaagtggac ctggttatat gtcaccaac agcatatggt240  
ccctgcaagc ctgttttga agccaatatt ctataaccta caggaatcca cttgaatctg300  
atgtctttgg aagcaatata ttttcccagg gttccaatgg actacg 346

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 79:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1329 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

45

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 79

10

```
cccccatca gttcgaattt ctgcagtga agcatctggg gttattgtga ccaactgaaa 60
gtctcagaga gtacccacgt gctccagccc ttctcccca gcatccttga tggcttaatt 120
cacctagcag cccagttcag ctacagaggtc ctcaacctgg tgatggagac cctgtgcatc 180
gtttgtacag tagacccga attcacagca agcatggaaa gcaaaatctg ccccttcacc 240
15 atcgccattt tcctaaagta cagtaatgat cccgtcgtcg cctcactggc tcaggacatc 300
ttcaaggagc tgtcccagat tgaagcctgt cagggcccaa tgcaaatgag gctgattccc 360
actctgggtc gcataatgca ggccccagca gacaagattc ctgcagggtt ttgtgcgaca 420
ccattgatat cctgacaaca gtagtacgaa atacaaagcc tcccctttcc cagcttctca 480
tctgccaaagc tttccctgct gtggcacagt gtacccttca cacagatgac aatgccatca 540
20 gtgcagaatg gcgagagtg cttgcggggc tatgtgtcag tgaccctgga acaagtagcc 600
cagtggcatg atgagcaggg ccacaatgga ctgtggtatg tgatgcaagt ggtgagccag 660
ctcctggacc cccgcacctc agagttcact gcggcctttg tgggccgcct tgtttccacc 720
ctcatctcca aggcaggcg ggaactcggg gagaatctag accagattct tcgtgccatc 780
ctcagtaaga tgcagcaggc agagacgctc agtgtcatgc agtccctgat catggtgttc 840
25 gctcatctgg tgcacactca gtagaacct ctctggagt tcctgtgtag cctcccagga 900
cctactggca aacctgctct agagtttgtg atggctgagt ggacaagccg acagcacctg 960
ttctatggac agtatgaagg caaagtcagc tctgtggcac tctgtaagct gctccagcat1020
ggcatcaatg cagatgacaa acggctacag gatatccgtg tgaagggaga ggagatctac1080
agcatggatg agggcatccg caccgctct aagtcagcca aaaaccaga acgctggaca1140
30 aacattcctt tgctggtcaa gatcctaaag ctgatcatca acgagctctc caacgtcatg1200
ggaggcta at gccgctccgc caggccactc ctgcagagtg ggagtcaaag gtgcacgaag1260
gccccttact tcccaggaag acttttagcc tgggcagatc aagttacaaa ttgtcaaatt1320
atccaggaa 1329
```

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 80:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 805 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
40 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
55 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 80

```

5  gcccccatca gttcgaattt ctgcagttag agcatctggg gttattgtga ccaactgaaa 60
   gtctcagaga gtaccacagt gtcacagccc ttctcccca gcatccttga tggcttaatt120
   cacctagcag cccagttcag ctacagagtc ctcaacctgg tgatggagac cctgtgcatc180
   gtttgtacag tagaccccgga attcacagca agcatggaaa gcaaaatctg ccccttcacc240
   atcgccattt tcctaaagta cagtaatgat cccgtcgtcg cctcactggc tcaggacatc300
   ttcaaggagc tgtccagat tgaagcctgt cagggcccaa tgcaaatgag gctgattccc360
10 actctgggtca gcataatgca ggccccagca gacaagattc ctgcagggct ttgtgcgaca420
   cccattgata tcctgacaac agtagtacga aatacaaaagc ctcccccttc ccagcttctc480
   atctgccaag ctttcctgc tgtggcacag tgtacccttc acacagatga caatgccacc540
   atgcagaatg gcggagagt cttgcgggcc tatgtgtcag tgacctgga acaagtagcc600
   cagtggcatg atgagcaggg ccacaatgga ctgtggtatg tgatgcaagt ggtgagccag660
15 ctctgggacc cccgcacctc agagttcact gcggcctttg tgggccgcct ttgtttccac720
   cctcatctcc aaggcagggc gggaactcgg ggagaatcta gaccagattt cttcgtgcca780
   tccttcagtt aagatggcag gaggt                                     805

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 81:

20

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 420 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

25

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

35

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 81

```

45  accagggtcaa gctcacccca aactattacc ttcgatgcat gtgttgatcat accctgtgga 60
   gatctccaaa gtcaaaagca actgtcagac tcagagaagt atctgtgccc ctttaagata120
   aaagggtccc cctatcaaga cccttggtcc ttaacgaatg cagggaaaaca ggtctgccat180
   agctggaatg aggtgggtgtg gacaactgaa tatcaaggct ggacctcgtc aaccgggtgg240
   tgtatgtcct taaaaccata cattcacttc actaaagaaa gtaccccca taattgccag300
   tataaccaat gtaatccagt gcaattttct attctcattc caacttctac tgaccctaaa360
   cctactttaa gttgcggtat atggcatggg agccgaaata gcaggggcac atcttattgg420
50

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

55

(A) LÄNGE: 2143 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 82

20  
 cggcgcgcct tttttttttt ttttttaagt tgaacagaac attttatttc tcagcaattc 60  
 tatgcgtaca aattaaacat gagatgaata gagactttat tgagaaagca agagaaaatt 120  
 cctatcaacc ccaaggagga ctcaaagtga ggctggaaga ggacttagaa gagtatgaaa 180  
 gtactctaag attttatcta agttgccttt tctgggtggg aaagtttaac cttagtgact 240  
 25 aaggacatca catatgaaga atgtttaagt tggagggtggc aacgtgaatt gcaaacaggg 300  
 cctgcttcag tgactgtgtg cctgtagtcc cagctactcg ggagtctgtg tgaggccagg 360  
 ggtgccagcg caccagctag atgctctgta acttctaggc cccattttcc cctctgaaaa 420  
 taagaggggt ggatcaaacg atctctgggg ccttagcatc tcaaatcctg tggatcctcc 480  
 tacttacccc ttagagagcc ttactgggaa gtcagtcatt aatgatgtgg ccagttattt 540  
 30 gcaagtggta agagcctatt taccataaat aatactaaga accaactcaa gtcaaacctt 600  
 aatgccattg ttattgtgaa ttaggattaa gtagtaattt tcaaaattca cattaacttg 660  
 attttaaaat cagttttgtg agtcatttac cacaagctaa atgtgtacac tatgataaaa 720  
 acaaccattg tattcctgtt tttctaaca gtcttaattt ctaacactgt atatatcctt 780  
 cgacatcaat gaactttgtt ttcttttact ccagtaataa agtaggcaca gatctgtcca 840  
 35 caacaaaactt gccctctcat gccttgccctc tcaccatgct ctgctccagg tcagccccct 900  
 tttggcctgt ttgttttgtc aaaaacctaa tctgcttctt gcttttcttg gtaatatata 960  
 tttaggggaag atgttgcttt gccacacac gaagcaaagt aaataaagac cacaatgtt1020  
 caaattctaa gccacttaat agcgttttgt acattaaaaa tgacaagggt tattatacaa1080  
 gtagcctttt aaaaaattct cacacagaac agctttgtat ttagacttaa agctgttgct1140  
 40 actttgctag tgacgtttgt gttaacagtc agtgcctag gccattgatt gattgattgt1200  
 cagaatcaga agtgactaca caagagcatt agccagactt ttcagtgaga acaggaacal1260  
 ggctggcacc agcacttggg acagcacgtg gacaggacga cggaaccag agttctctgt1320  
 ctctccttca cagcagatgg actcttctat aggtggctgt taatttacac aaagttatat1380  
 tccagaatca ggaagccccg tgtcgccaac acttgaagga gaactatgtt ccagttttgg1440  
 45 tgttgaactt ctcacgaaat acctactacc aaaaattgtg acaccttatt agacacttcc1500  
 aaagtacccc ccaaaaagctg tttaaaagac cattccattt tttcctacac aaagtgcatal560  
 ctaaaatttc acaataatca tcttcagatg tacattttat ttagtacatt tcacagtttt1620  
 cagatttcag tccctcatga acattttata gtcactctct cggccctgtt gtgaaatatg1680  
 tgattccagt tcaattcaga gtgtatgatt ccgcttttca cgctgatcaa gtaaat1740  
 50 ggtgtctctt ttctgatctt caacattaaa aacatctatg tttctgtcat tccctgccag1800  
 ggctgcttgc ttgtctgtct cagattctgc ttcat1740 tccatgttgt agtcatcttc1860  
 tctctcagtt ttctgtgtgt ttctcccttc cccggcagct tctgtctcct cctcctgtcc1920  
 gtcggggatg acaagctggg ctgcgtcagg gccctccatc totggatttt cctggctcac1980  
 tgacagggca gcctgcacct gtggggctctg gccagttct ccggctcccc cgaagcctct2040  
 55 tccacctaca ggtctgtctt caacacctgc tcccggcctg gctcctgcgg cagcctgtcc2100  
 ctctgaggct ccgatcaaca ctgatctcat ggttcccttc cca 2143

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 450 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 83

25 tttttttaaa gccagctttt cttcagattt ttttggtggg caggctcgtga aagacaggtg 60  
aggaagtaga tcttgggctc agcatgcctc taaaagtata atttcttttt ttaaatgtgg120  
aaagaaatgc ataactctgt ttctgttctt gtccccctct ctgcctctgt ggtgcctgag180  
atactgggga tcccacagct ggggccactc agaggctacc aggaacgctt ccagtttgca240  
tctggctggt agtgccagga ccagaaacct acagacctct tcacagacct cctgaccgtg300  
30 atgtccctga agcctggaag gtgtccacac aatgaagcag aattgagtga tggggtgttt360  
tgtggaacct agtgaaactg tgtaacaca gtggaactgt gttaattttg agtggaagtt420  
caagttccgt ggagttcatt gggcccgttt 450

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 84:

35

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 408 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
40 (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

## 45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- 50 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 84

5

```
tgcaactgtg caccagctt gccagatttt tccccattac accccagtg tggcatatcc 60
ttggtcccca gaggcacacc ccttgatctg tggacctcca ggcctggaca agaggctgct120
accagaaacc ccaggcccct gttactcaaa ttcacagcca gtgtggttgt gcctgactcc180
tcgccagccc ctggaaccac atccacctgg ggaggggcct tctgaatgga gttctgacac240
10 cgcagagggc aggccatgcc cttatccgca ctgccaggtg ctgtcggccc agcctggctc300
agaggaggaa ctgaggagc tgtgtgaaca ggctgtgtga gatgttcagg gctagttcca360
accaagagtg tgctccagat gtgttggggc cctaacttgg cacagagt 408
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 85:

15

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 311 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 85

```
tacagttttt atcagtgatc acatttttagt gtaatacatg aaactgaggc ttgatagaaa 60
acaggagaga aggcagtagt gcatgggga catagggaga tgagggcaag catcaccaag120
40 gagcggcagt gagatagacg ctctcatgga ctgctgcttt acaacctccc tggagagcaa180
tttaaaaata tgaatcaaga tccttttgat ccactaatca tccagaaatc tacacagaaa240
tatgcacaaa aatatgtggg catccattga ctttccaacc tcttctcttt ccagggggaa300
tattccttaa a 311
```

45

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 86:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 487 Basenpaare

50

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung



hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 86

15

```
gtcttttgaa atctgtttcc actacagcta tggccaagtc tatcagccgg tgctaccagg 60
agtcactgcc agggctgccg ttctcctgaa cccagtgccg cagaatcata agccctgacc120
ccatccctag aaagatgagg tcccagcaat ggccagagca tttctcacca gttctgtgag180
atagcacata aaaatagagt tctttgggca aaacttttgg gaagcaatgc atcctacatg240
20 ggctgatatt cagcctgagc tgttctcaag aggagagtgg tactggcagt ttatggctga300
aatccattct gattggttgg agtctatgct ataccagttg ttaaacattt tgagtatcac360
ccttgcatatc tgttactatt atatttcctc tatatataga cagaaaggcc atttttagga420
tattaaaggc tctgaaaatt tctgcagtag acccaactga aggttctatt aaggcagggt480
tcctaaa 487
```

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 87:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

30

(A) LÄNGE: 1902 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 87

50

```
gaggaaaaag aacaatgaac agcaacgatc ttgactgtgc aactcagaca ttcctgcaga 60
aaagacatat gttgctttac aagaaggcca aagaactatg gggccttccc agcatTTGac 120
tgttcattgc atagaatgaa ttaaatatcc agttacttga atgggtataa cgcattgaatg 180
```

```

5  tgtgatttta ttaggggcat ctgccaattc tctcactgtg gttccttctc tgactttgcc 240
   tgttcatcat ctaaggaggc tagatccttc gctgacttca ccattcctca aacctgtaag 300
   tttctcactt cttccaaatt ggctttggct ctttcttcaa cctttccatt caagagcaat 360
   ctttgctaag gagtaagtga atgtgaagag taccaactac aacaattcta cagataatta 420
10 gtggattgtg ttgtttgttg agagtgaagg tttcttggca tctggtgcct gattaaggct 480
   tgagtattaa gttctcagca tatctctcta ttgtcttgac ttgagtttgc tgcattttct 540
   atgtgctgtt cgtgacttgg agaacttaaa gtaatcgagc tatgccaact tggggtggta 600
   acagagtact tcccaccaca gtgttgaaag ggagagcaaa gtcttatgga taaacctcc 660
   tttcttttgg ggacacatgg ctctcacttg agaagctcac ctgtgctgaa tgtccacatg 720
15 gtcactaaac atgttatcct taaaccccc gtatgcctga gtgaaagggt ctctctctta 780
   ttaggttttc atgggaacat gaggcagcaa atctattgct aagactttac caggctcaaa 840
   tcatctgagg ctgatagata tttgacttgg taagacttaa gtaaggctct ggctcccagg 900
   ggcataagca acagtttctt gaatgtgcca tctgagaagg gagaccagg ttgtgagttt 960
   tcctttgaac acattgtgtc tttctcaaag ttctgcctt gctagactgt tagctctttg 1020
20 aggcagggga ctatgtctta tcaatcacta ttattttcct gttacctagc atgggacaag 1080
   tacacaacac atatttgtgt agtcttctaa aagactcctc tgattgggag accatatcta 1140
   taattgggat gtgaatcatt tcttcagtgg aataagagca caacggcaca acctcaagg 1200
   acatattatc tactatgaac attttactgt gagactcttt attttgcctt ctacttgcgc 1260
   tgaaatgaaa ccaaaacagg ccgttgggtt ccacaagtca atatagtgtg gatgaggatt 1320
25 ctgttgcctt attgggaact gtgagactta tctggtatga gaagccagta ataaaccttt 1380
   gacctgtttt aaccaatgaa gattatgaat atgttaatat gatgtaaatt gctatttaag 1440
   tgtaaaagca ttctaagttt tagtatattg gggattgggt tttattattt ttttcccttt 1500
   tgaaaaatac tgagggatct tttgataaag ttagtaatgc atgttagatt ttagttttgc 1560
   aagcatgttg tttttcaa atcaagta tagaaaaagg taaaacagtt aagaaggaa 1620
30 gcaattatat tattcttctg tagttaagca aacacttggt gagtgcctgc tatgtgcacg 1680
   gcatgggccc atatgtgtga ggagcttgct taattatgta ggaagcaata gatctcggt 1740
   gttacgtatt gggcagatac ttactgtatg aatgaaagaa catcacagta atcacaatat 1800
   cagagctgag ttatccccag tgtagcttcg ttggggattc cagtttctgg gaacgagagt 1860
   tagggccatt ttatttaaaa gaaactcccg gttgagaccg gt 1902

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 88:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- (A) LÄNGE: 1048 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 88

55

```

ctcacccgtcg tctacaccgt gttctacgcg ctgctcttcg tgttcatcta cgtgcagctc 60
tggtcgtgtgc tgcgttaccg ccacaagcgg ctcagctacc agagcgtctt cctctttctc 120

```

```

    tgcctcttct gggcctcccg gcggaccgtc ctcttctcct tctacttcaa agacttcgtg 180
    gcggccaatt cgctcagccc ctctgtcttc tggtgtctct actgttccc tgtgtgcctg 240
    cagtttttca ccctcacgct gatgaacttg tacttcacgc aggtgatttt caaagccaag 300
    tcaaaatatt ctccagaatt actcaaatac cgggtgcccc tctacctggc ctccctcttc 360
5   atcagccttg ttttctgtt ggtgaattta acctgtgctg tgctggtaaa gacgggaaat 420
    tgggagagga aggttatcgt ctctgtgcga gtggccatta atgacacgct ctctgtgctg 480
    tgtgcggtct ctctctccat ctgtctctac aaaatctcta agatgtcctt agccaacatt 540
    tacttgagtg ccaagggtc ctccgtgtgt caagtactg ccatcgggtg caccgtgata 600
    ctgctttaca cctctcgggc ctgtacaac ctgttcattc tgtcattttc tcagaacaag 660
10  agcgtccatt cctttgatta tgactgttac aatgtatcag accaggcaga tttgaagaat 720
    cagctgggag atgtcggata cgtattattt ggagtgggtg tatttgtttg ggaactctta 780
    cctaccacct tagtcgttta tttcttccga gttagaaatc ctacaaagga ccttaccac 840
    cctggaatgg tccccagcca tggattcagt cccagatct tatttctttg acaaccctcg 900
    aagatatgac agtgatgatg acctgtcctg gaacattgcc cctcagggaag ttcagggaag 960
15  gttttgctcc agattactat gagttgggga caacaaacta acagcttcct ggcagaagca 1020
    gggacttttg aaagcctcaa agtttgga                                     1048

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 89:

## 20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 804 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 89

```

    gcccccatca gttcgaattt ctgcagttag agcatctggg gttattgtga ccaactgaaa 60
    gtctcagaga gtaccacagt gctccagccc ttccctccca gcatccttga tggcttaatt 120
    cacctagcag ccaggttcag ctccagaggtc ctcaacctgg tgatggagac cctgtgcatc 180
45  gtttgtacag tagaccccga attcacagca agcatggaaa gcaaaatctg ccccttcacc 240
    atcgccattt tcttaaagta cagtaatgat cccgtcgtcg cctcactggc tcaggacatc 300
    ttcaaggagc tgtcccagat tgaagcctgt caggggccaa tgcaaatgag gctgattccc 360
    actctggtca gcataatgca ggccccagca gacaagattc ctgcagggtt ttgtgcgaca 420
    gccattgata tcttgacaac agtagtacga aatacaaaagc ctccccttcc ccagcttctc 480
50  atctgccaaag ctttccctgc tgtggcacag tgtacccttc acacagatga caatgccacc 540
    atgcagaatg gcggagagtg cttgaggggc tatgtgtcag tgaccctgga acaagtagcc 600
    cagtggcatg atgagcaggg ccacaatgga ctgtggatat tgatgcaagt ggtgagccag 660
    ctcttgacc cccgcacctc agagttcact gcggcctttg tgggcgcctt tgtttccacc 720
    ctcatctcca aggcaggggc ggaactcggg gagaatctag accagatttc ttcgtgccat 780
55  ccttcagtta agatggcagg aggt                                     804

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 581 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 90

25 tctttgatca gatttagtgt cttaggaat taaatcagaa agtctattta gctattctag 60  
 aagtgtatgt gtaggtattg ggtggttggg gttctttgag cgaacttgtc agaaactcca120  
 ttcttaacat cagaatcagg gcaggattga aaacattgtg gctggatctt gaaattgcta180  
 taacatctat tgcagaaaat gataggtcag atggatagca ataataatta tatatcagat240  
 cttagtaaca aaattaccaa gctttatcta gtggatatat gtaaaagaat atttttaaat300  
 30 gtccagcatt gatgtatttt ctttaagaat tattacagta tataagcatt ctttgggaat360  
 acagtataaa aacataaaatt ttttcgtatt tttaattttt tttatttttt tggccaagga420  
 tgaatcctcc cctgtaaaat attgattttc gcctaaattt cgggggtttcc ctggcacata480  
 atagcactgg cccaacttc ggagatggcg gatgcgggta aaaagccaaa aggatggatg540  
 gggatccgga aatacgtggt ggaatggaag cgaatccaat a 581

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 91:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2042 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 91

```

tggagatatt agtcagtttc tttagtata tttgtttcct tgatgtgcct ttttgttttt 60
cttttggggtt tttggaatcc ggatgctgtt gaagggcaat agcagactcc tccagctaag 120
agacaggaca tgttcttgag ccactgtagc tgttgaagct ggacaccaga cgctccctat 180
10 aacccccccg ccaggccata gcgtgtatgc atgtgcactt ccaccacagc aggaggggtg 240
gaagccttga gaacctcaag aaagggtcgt attctgccat accttgggtt ctaccttggg 300
actgctgggtt gccaacgtgt caaccagcct gtgttccctg ccaccacgc acttgctgag 360
gtgtggctga ggcagaatca tgtgaatggg tgcattcaag gagttcaggg ccctgcttgg 420
agaagaaata cttagcatc atgaaaggga aagaacgtgc accccttttt tgtttcttta 480
15 gtgaatgcaa gatttaataa aagtgaataa tgagcttccc ctttgggagt ggagcccagt 540
gcagctcact gacagggttg acatcagtat gatgtgttgg actgaaactg tatgtctgta 600
ggtaggtgtg tgccttttag ggcagaccac ggtggccacc ccatttctcc aaggtgggtt 660
acctagcttg tgtatattag acattgccac cctcacctct ggccaaaaat tcttgattta 720
aaaagaaaag tctattttgt taacgacagg ctctgttcta tgtgttacta tcccaagcct 780
20 ggattatttt atttatttaa aagtatttta atttccatat tggctttatt ctaatcccat 840
ccatccctgt ggagctgcag agcatcttca tgtgagtaga cggatggaca taaatagatt 900
catgctcatt taggaagctg ggagtttcgt gaagctgagg gtgagttcct gtgattcttg 960
ttcgcttcaa caaaaagtgg gagaccaagt ttttatagca aaagaccaa ttagctgtag1020
agtcttgaat gcagaaaaaa attaccctag ctttcttagc acttagggtt ttgtgaggat1080
25 tcagtgttta gcacagtgtc tggcacatag taagccctag taaatgttaa atattgttat1140
tagtggttctg taaaacttga gaaatagagc tgagctcatt cccttcctgt tgattcaaaa1200
ataataccta catgaaaaca tgattccaag ttgattgaat gttgtaggaa ttactgggtt1260
agagtagccc agttctcggc ctaccctgct ggttgggagc ttactgtatt cttgaatgca1320
ctggtttgaa aatatgccag acttcagccc ccaaggaaac aaggctgcaa gaatttatga1380
30 actccagctg gaaaaggtaa aggtgacctt tggctagcca catactggac cttacccac1440
tgacgtcttt cagaacattc caagggtttt cctcaaggaa catttttgag ctagaattaa1500
aaatgggttc tctggcagac tgcaccctt gagtcaaaat taacagtatt cctttgaatg1560
caataataga ggcttttctg cgtaaaggga gaaggaatga ccaattgaac ttacacattc1620
cccaggcagg tccctttgcc ggcccctaca ggctggggtg gccctcctg tcctcaggga1680
35 tcagactccc agactggtta gttctgcatg tttccatcaa attaaagggtt attccctggc1740
cgctcctg agaaaaacca cccacccctg ccagctgggg gcaatggggc agggattttg1800
gcctctcaga acagctccta gaggtgctc atgactgaat gttttccaa atcacctaaa1860
tatcggtttg cttttgttt tgggggagag gatttagcct cttacttccc tgatggattc1920
aaagttttat ctatctcctt atctcctgcc ctgtcttggc acaactctgg atagattgca1980
40 ggtgtggaat ttgctggagt ttggtggctc cccaaattcc ttgatctgtc cgcaaagaga2040
ag
2042
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:

- 45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 430 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 92

```
10 gttaaaaacc tagtattcat tttttttttt cctgtaccaa aacaatcatc ttcctttatt 60
   tttcctggag cgggaagagg agagtggaga agaagggaag aatgcaaagt gtcactttga120
   acttctcggt caccacacac gtgggagtcg actcatgtca gcagcctccg tgcacaggcc180
   ccaggtgaaa gaaagaatga ggtctagttg gaccagctaa cactgcctgc cttgtgttta240
   cgaaaggcag ctgcctctgt ggtgtgattt caggggagcc agacagggcc ggggccacga300
15 acctgcatcc tgcatacctaa gcacctatct gccatgcggt gaggtctaac ttgggaaact360
   tcaatttgct tgggggtgcag attagctttc caaactattg tgatgctcat gcttgacttc420
   ccaaggactt                                     430
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 93:

20

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 592 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

25

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

35

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 93

```
45 aattaaaata aatagaaaca tacggagatt cttttatggt ggatttatta taccctccac 60
   catthttggtc cctgaaaagg gaaaagatac acggctcgagt agtacaggta tgtggtttccc120
   actacacatt atggctataa tggagttgaa ttgcaaacag taaaattttg ttttgattg180
   gtttcccctg atccccccag acaggagctt cctctcccac cctacctgcc tgcccttaag240
   ttgtgtccta ttaactgga cacaatctc accggctttt agtctaataa ttgaatcata300
   gctacacacg gtgacaccag aatagctact tgthttttta tgttaccagt gagtaacttg360
   tttatccttg tatgtagaaa ctaatttcac catgatcaca gatctgtgta acatctctag420
50 tttgaatttc cacacaattt taaaatgtct actaggaaaa cttacacctt tttgttccaa480
   ggggtgctct catctattaa aaccgtgggg gcatacttcc agtggttgctt ctgaggggcca540
   aattttgtgg gtcgtggggg acaattttgt attaacatac gttattttgt aa 592
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 94:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 674 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 94

25 aaggccgcgc aagtgcactt gcgtgtcacc gttaccgtag cgactgggct tctggactgt 60  
 atatacctagc tgcccttgta acatcttcga gcatcggcag ctccggaggc cggggtaact120  
 ggcagcaggt aggaactat gtgaaagaat ctccctgatgt cataatttcc ggggtgcacc180  
 ggaacatttg atcatcatto ctttggaat tccagccttc tgtggaaagg ccagtagaaa240  
 gcattgattt attcacctct acaggaatca gactcagcct cttttgggtt tcagtgaagt300  
 30 atgccttttc aatttggaac ccagccaagg aggtttccag tggaaggagg agattcttca360  
 attgagctgg aacctgggct gagctccagt gctgcctgta atgggaagga gatgtcacca420  
 accaggcaac tccggagggt ccttggaagt cattgcctga caataactga tgttcccgtc480  
 actgtttatg caacaacgag aaagccacct gcacaaagca gcaaggaaat gcatcctaaa540  
 tagcaccatt aagtcttttg tcaaggctct actaggtcaa gggtaatgga ccagtatcat600  
 35 ctggtgatct ggtaaacaaa taaaagtggt ggcaccttta gatgatgaaa aaaaaaaaaa660  
 aaaaaaaaaa aaaa 674

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 95:

- 40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 324 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 45 (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

- 50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 95

```
10 gttctttttca ttccatcact ttaggtgatg ggtaagattt ttgaaagcct tatatTTTTT 60
    gattttgttg tctagtttaa tcctaccttt aatagttgtg tttggtaaaa ttcccacttg120
    aatgtgacac tgataataat tatgctgatt tttagcatct cttataggaa tcaaagttta180
    ttaaagttac atagaggatt gaaaaatgta tatcactcaa tttttatcta aggagggata240
    ggtataaag ggaggtacct aaatagctca aataatggat ataatccttt tttccataac300
15 catttgggat gctttaaggc aatt                                     324
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 96:

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 709 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
35 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 96

```
45 ggatgcggca ctataacatc cccgtcagag tgtgtgagga gaccagtcta tgagagacgc 60
    atgctcctga cagcctggcg acgtggcgaa gatgcacagg tggctcctgg gcttgggctg120
    caggtttggg ggtctctaag aacaatctct gagaagaacc cttgggcccc tgggagccaa180
    gttggacagg atgtcctgaa gactagcttt tgataagaga aattaaccaa gtctttcccc240
    tcatctatga tgcaatatat ttcagtgggg gccttcagag cacacctgtt ggacggtgca300
    aaccatatct tctccagaag gcaaatactt ttgtatcaga ggaaactcag ttttggagag360
    gaatatgttc tttatatctc aaatcaaaac tctctcta at ggtaaactgg cttctaattt420
    ttttaagtac agtatTTTTT tttcccttt agtagtaacg ggtttctata gatcttccta480
    50 tacagtctgc ttttaactcag gaccttgaga ttatgagact gacgtgctgc ccactgcact540
    gagggggcct ctaacagtct gctttaagtg gtataattct gggatagatc tgttactggc600
    atagtcatga caacctctgg taatcttacc ttctcctttt tatgaaggga agagcaatgg660
    tttggactta catctaaatt aaggctattt taagcagatt gttttgcaa 709
```



## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 97:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 562 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 97

25 gtccagatgg aatgactccc atcctctcct catctcccct ttgacgagcc tcaaactgct 60  
cagctcatca aagagccatt gccaaattcc gtatgtggtt ctgggtccca gggagccttg120  
gaacctggca ccctggggtg gtttaattcc ggcaagagag cattcctgct tctcaaggga180  
cacagtggcc tgcattggcc agcatggacc ctgggctgat catgtgcatt cctgcttctc240  
tggggacaca gtgggcccac atggggccagc atggaccctg ggctagagca agcacatctc300  
30 catctcttcc acctcaggca gtgtggctcc agatgtcagg agggactgac ctcaggacct360  
tccaggttcc tctgtgccag gaatgagagg ccaggcccga tcctaccacc tgccttgac420  
cctgaagtca gagcaggcca gccaaagcagg aagcacactg ttttaatttt tgcattggaaa480  
gtaaatgtgt actttgatag ggttaaaata tggctttttt taagttgctc aaccataa540  
tttgagccat tgccttgctt aa 562

35

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 40 (A) LÄNGE: 1948 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- 45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 98

```
gatcaccaag acacacaaag tagaccttgg gctcccagag aagaaaaaga agaagaaagt 60
ggtcaaaaga ccagagactc gatactcagt tttaacaat gatgattact ttgctgatgt 120
ttctccttta agagctacat cccctctaa gagtgtggcc catgggcagg cacctgagat 180
10 gcctctagtg aagaaaaaga agaagaaaaa gaagggtgtc agcacccttt gcgaggagca 240
tgtagaacct gagaccacgc tgctgtctag acggacagag aagtcaccca gcctcaggaa 300
gcaggtgttt ggccacttgg agttcctcag tggggaaaag aaaaaataaga agtcacctct 360
agccatgtcc catgcctctg gggtgaaaac ctcccagac cctagacagg gtgaggagga 420
aaccagagtt ggcaagaagc tcaaaaaaca caagaaggaa aaaaaggggg cccaggaccc 480
15 cacagccttc tcgggtccagg acccttggtt ctgtgaggcc agggaggcca gggatgttgg 540
ggcacttgc tcagtgggga agaaggatga ggaacaggca gccttggggc agaaacggaa 600
gcggaagagc ccagagaac acaatgggaa ggtgaagaag aaaaaaaaaa tccaccagga 660
gggagatgcc ctcccaggcc actccaagcc ctccagggtc atggagagca gccctaggaa 720
aggaagtaaa aagaagccag tcaaagttga ggctccggaa tacatcccca taagtgatga 780
20 ccctaaggcc tcgcaaaaga aaaagatgaa gtcaaaaaa aaggtagagc agccagtcac 840
cgaggagcca gctctgaaaa ggaagaaaaa gaaggagaga gagagtgggg tagcaggaga 900
cccttggaag gaggaaacag acacggactt agaggtggtg ttggaaaaa aaggcaacat 960
ggatgaggcg cacatagacc aggtgaggcg aaaggccttg caagaagaga tcgatcgca1020
gtcaggcaaa acggaagctt ctgaaaccag gaagtggacg ggaacccagt ttggccagt1080
25 ggatactgct ggttttgaga acgaggacca aaaactgaaa tttctcagac ttatgggtgg1140
cttcaaaaac ctgtcccctt cggttcagccg ccccgccagc acgattgcaa ggcccaacat1200
ggccctcggc aagaaggcgg ctgacagcct gcagcagaat ctgcagcggg actacgaccg1260
ggccatgagc tggaagtaca gccggggagc cggcctcggc ttctccaccg cccccaacaal1320
gatcttttac attgacagga acgcttccaa gtcagtcaag ctggaagatt aaactctaga1380
30 gttttgtccc ccaaaaactg ccacaattgc tttgattatt ccatttatgc tggagattac1440
aaattttttt tgtgaaaaaa tcagatcttg gtgaggacct cgagcagtaa gatataaata1500
actcccataa gcttagcggt ccagtaatgg aacactaggc ataaatgggt tattcagttg1560
tgcaaatgaa agccatctga cagttggctc acattgaaca cctgtggaga ttaaggacga1620
ggacaactat attgatgggc ttggatgaac tggggcaggg cagctcatat ttcgggagcc1680
35 aggagaacga gtgagtgcta aaacctcctg tttctgtgt taaacattcc gtccctgttt1740
gagacatcag tatgtacagt taacttttgt tgagtgttta gcaggtacta gggacatact1800
agtgttttcc ttaatgtatt taactttcat aattatgaaa tgggtgctat tattagcccc1860
atcttataga tgaggcaact gaggttcagg gataaagtaa taaaattgcc tggggtcacc1920
cagccactaa aaaaaaaaaa aaaaaaaa 1948
40
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 99:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 45 (A) LÄNGE: 483 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 55 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 99

10 aatttatggg gtctatcttt gaccacgtga taccacttac ctgattctat gtactgatta 60  
atgtatctaa cagttttata gtgaaagtac tttttaaaaa agtatttgaa tggtcatttc120  
tatttttccc cctttgctgt acaagttaat ttttactcat cttttgctgt acaaattaac180  
tttcatcaat acaataaga ggctagtttt aagtcaattt atttgcattg agcccaggaa240  
caattaaatt ctataaagta atgtattaaa atagtacact ttaaaaaatta ttttccttct300  
ttttttctct ttaattttta agaccatcat aataaattat cattacaaag tcaaacatac360  
15 tatatactac tatcagtcaa tggggaaaaa ataagtccat atgttttatg ggtaaaatgc420  
tgtaatagat tgggattgtc caatttgcct tgaaaaaaat cacagcagtt tttaggtttc480  
cct 483

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 100:

20

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 437 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

25

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

35

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

40

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 100

45 cccgcttgag gcgtaggggg tggcgtcttc cgctcggcgg cgctcccatg ggcacatta 60  
ccattaacca gtacctgcag caggtgtacg aagccatcga cagcagagat ggagcatctt120  
gtgcagagtt ggtgtctttt aaacatcctc atgttgcaaa cccacgactt caaatggcct180  
ctccagagga gaagtgtcaa caagtcttgg aacccctta tgatgaaatg tttgcagctc240  
atthaaggtg cacttatgca gtggggaatc atgacttcat agaggcatat aagtgccaga300  
ccgtgatagt ccaatcattc ttgcgagcat tccaggccca caaagaagaa aactgggctc360  
tgctgtcatg tatgcagtag cgcttgacct ttcgagtggt tgccaataat gcagttcaac420  
50 cagttgggta aggaagg 437

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 359 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 101

cagatctagg ggcttcagct gtgtgcagac cccatgccac ttcaggggaag tgacacaggc 60  
ctgtgtcatc tcgctttggc agcaggtggg tggccttcct caggggagga ggtggcctga120  
gatgtgtttc aggtctttga cccatcactc cctacacaca cgacgtgaac accactcctg180  
gagcattctc agaatggaga tttgaattcc atgtggcagc ttctcacaca caaacctgcc240  
atcattcccc acacacccac tcacgacatt caacagccat gagccaaaag aagttccttg300  
tttcagattt gaaggtttta tgaatccact tottccggat gtagctcttt aatgatttt 359

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 501 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 102

```

5   tcggcgctcac atcctgagtc gcgcctctgc cgaggcggag cggacatgca ggctccccgc 60
   ggcaccctag tcttcgccct ggtgatcgcg ctcggtcccg tcggccggga accttctagc120
   caaggatctc agagtgcctt acagacatat gagctgggaa gtgaaaacgt gaaagtcctt180
   atttttgagg aagatacacc ctctgttatg gaaattgaaa tggaagagct tgataaatgg240
   atgaacagca tgaatagaaa tgccgacttt gaatgtttac ctaccttgaa ggaagagaag300
   gaatcaaac acaacccaag tgacagttaa tcctaaacct gaatggcgct catgttttcc360
   aagagaagca gccctgagg gagtctgctg aggctgcaa cagaggatga agaggataca420
10  aatttaatta atttcaaac aacatagaca caagaacct ttgctgtttc ttccaacgcc480
   cactcttctc aatgatggca t                                     501

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

## 15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1102 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 103

```

   cgggatctcc cgaaggaatt tacggggatt cctcggacca ttatcctcag gcaagaaaca 60
   aaaccaaact tggactctcg tgcagaaaat gtagccatt accacatgta gccttgaga 120
   cccaggcaag gacaagtaca cgtgtactca cagagggaga gaaagatgtg tacaaggat 180
40  atgtataaat attctattta gtcacacctga tatgaggagc cagtgttgca tgatgaaaag 240
   atggtatgat tctacatatg taccattgt cttgctgttt ttgtactttc ttttcaggtc 300
   atttacaatt gggagatttc agaaacattc ctttcacat catttagaaa tggtttgct 360
   taatggagac aatagcagat cctgtagtat ttccagtaga catggccttt taatctaagg 420
   gcttaagact gattagtctt agcatttact gtagttggag gatggagatg ctatgatgga 480
45  agcataccca ggggtggcct tagcacagta tcagtacat ttatttgtct gccgcttta 540
   aaaaataccc attggctatg ccacttgaaa acaatttgag aagttttttt gaagtttttc 600
   tcactaaaat atggggcaat tgtagcctt acatgttgtg tagacttact ttaagtttgc 660
   accctgaaa tgtgtcatat caatttctgg attcataata gcaagattag caaaggataa 720
   atgccgaagt cacttcattc tggacacagt tggatcaata ctgattaagt agaaaatcca 780
50  agctttgctt gagaactttt gtaacgtgga gagtaaaaag tatcggtttt attctttgct 840
   gatgtccttt ctgcttgaaa taacagtcac catacagcta aaggagagga gtttcttcc 900
   ttctaagtag gcagaaatgg tatcattatg ttgccgtctt ccaatctccc agagctcgct 960
   ctctagagaa tcaccttctt tcgcgttttt tttttttttt gagggtagga gtctcactat1020
   gttgcccaca gactaggcct gggaactgtt gggggggcaa ggggattgct cccgtcccgc1080
55  aggcctcccc agtaggccgg ga                                     1102

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 104:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 306 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 104

25 gaccaacctt ccctgccatt tatacggcat aaaaccctca atctcaccag tatggctacc 60  
aaaattatag gttcacctga aacaaagtgg attgatgcaa cttctggaat ttacaactca120  
gaaaaatctt caaatctatc tgtaacaact gatttctccg aaagccttca gagttcta180  
attgaatcca aagaaatcaa tggaattcat gatgaaagca atgcttttga atcaaaagca240  
tcttgaatcc attttttttg aaaaacctta aaaaggcgca tcacaatttt tttgaacaag300  
30 ggtcat 306

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 2042 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

- 50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:105

```
5  tggagatatt agtcagtttc tttagtata tttgtttcct tgatgtgcct ttttgttttt 60
   ctttgggggtt tttggaatcc ggatgctgtt gaagggaat agcagactcc tccagctaag 120
   agacaggaca tgttcttgag ccactgtatg tgttgaagct ggacaccaga cgctccctat 180
   aacccccccg ccaggccata gctgtatgc atgtgcactt ccaccacag aggagggtgt 240
   gaagccttga gaacctcaag aaagggtgtg attctgccat acctttgggt ctaccttggg 300
   actgctgggt gccaacgtgt caaccagcct gtgttccctg ccaccacgc acttgcctgag 360
10  gtgtggctga ggcagaatca tgtgaatggg tgcattcaag gagttcaggg ccctgcttgg 420
   agaagaaata ctttagcatc atgaaaggga aagaacgtgc accccttttt tgtttcttta 480
   gtgaatgcaa gatttaataa aagtgaataa tgagcttccc ctttgggagt ggagcccagt 540
   gcagctcact gacagggttg acatcagtat gatgtgttgg actgaaactg tatgtctgta 600
   ggtaggtgtg tgccttttag ggcagaccac ggtggccacc ccatttctcc aagggtgttt 660
15  acctagcttg tgtatattag acattgccac cctcacctct ggccaaaaat tcttgattta 720
   aaaagaaaag tctattttgt taacgacagg ctctgttcta tgtgttacta tcccaagcct 780
   ggattatttt atttatttaa aagtatttta atttccatat tggctttatt ctaatcccat 840
   ccatccctgt ggagctgcag agcatcttca tgtgagtaga cggatggaca taaatagatt 900
   catgctcatt taggaagctg ggagtttctg gaagctgagg gtgagttcct gtgattcttg 960
20  ttcgcttcaa caaaaagtgg gagaccaagt ttttatagca aaagaccaa ttagctgtag 1020
   agtcttgaat gcagaaaaaa attaccctag ctttcttagc acttagggtt ttgtgaggat 1080
   tcagtgttta gcacagtgtt tggcacatag taagccctag taaatgttaa atattgttat 1140
   tagtgtttcg taaaacttga gaaatagagc tgagctcatt cccttctctg tgattcaaaa 1200
   ataataccta catgaaaaca tgattccaag ttgattgaat gttgtaggaa ttactgggtt 1260
25  agagtagccc agttctcggc ctaccctgct ggttgggata ttactgtatt cttgaatgca 1320
   ctggtttgaa aatatgccag acttcagccc ccaaggaaac aaggctgcaa gaatttatga 1380
   actccagctg gaaaaggtaa agtgacctt tggctagcca catactggac cttaccccac 1440
   tgacgtcttt cagaacattc caagggtttt cctcaaggaa catttttgag ctagaaatta 1500
   aaatgggttc tctggcagac tgcaccctt gagtcaaagt taacagtatt ctttgaatg 1560
30  caataataga ggcttttctg cgtaaggga gaaggaaatg ccaattgaac ttacacattc 1620
   cccaggcagg tccctttgcc ggccctaca ggctggggtg gccctcctg tctcaggga 1680
   tcagactccc agactggtta gttctgcatg tttccatcaa attaaagggt attccctggc 1740
   cgctcctctg agaaaaacca ccccaccctg ccagctgggg gcaatggggc agggattttg 1800
   gcctctcaga acagctccta gaggctgctc atgactgaat gttttcccaa atcacctaaa 1860
35  tatcggtttg ctttttggtt tggggagag gatthagcct ctacttccc tgatggattc 1920
   aaagttttat ctatctcctt atctcctgcc ctgtcttggc acaactctgg atagattgca 1980
   ggtgtggaat ttgctggagt ttggtggctc cccaaattcc ttgatctgtc cgcaaagaga 2040
   ag 2042
```

40

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 106:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 45 (A) LÄNGE: 320 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

55

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 106

aatcttttta ccatgaaatt tcttcagaa ttttccccct ttgacacaaa ttccatgcat 60  
gtttcaacct tcgagactca gccaaatgct atttctgtaa aatcttccct gagtcttcca120  
10 agcagtaatt tgccttctcc tagagtttac ctgccatttt gtgcacattt gaggtaacagt180  
agcatgttat ttacaattg tgactctcct gggagtctgg gagccatata aagtgggtcaa240  
tagtggttgc tgccttgaga gttgaatgac attttctctc tgttttggta ttactgtaga300  
tttcgatcat tctttggtta 320

## 15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 107:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 506 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

35

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 107

gtcgaacagc aaagccaaga cttgttaaaa aggtttgaag aggaaggacc ataacaattg 60  
40 aaagggggaa attataagat acagtaaatt cctcttcaaa gatttagcct gttgacttcc120  
ttattctttg ttctcaaact cgacttcctt gttgtccatg cctccttgct cctagttact180  
gtgaacaacc ttcccaccag ttctaataca taactcacat ctgctccctt ggtaaccac240  
tctgcaccca ttcttccac tgaaactgca ctcccacca ctgtaactca catccccctt300  
cccttcctta ttggaaaag tattcacaaa tagccaatcg ggtcaactta gaatgagcgg360  
45 tccaacccca gccctgggg gagtgacaca gaggtaggga ctgtgtagg gataaaaacc420  
tttcccttc tttgttcagt gtgctgctgt gatcatgatt gatgcaggca gcagcctttt480  
tgcagaagta aattgccttg ctgagg 506

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 108:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1276 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure



(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:108

```
20 gcgcggccgg cgccctgcggg gcgagaggggt cggggcggaag gggaagctac gtcccggagg 60
   tgcggtgtgg ggcaccgggc ggggcgcggg gaaccggcgc cccacggagc tgctgctgtc 120
   agaccaaccc cgggccccca tcatcactgc gccgcgcttt caggcgccga gaactaccgt 180
   tcccggcatg ccatgaaatt ggcctcggcg ctgaggcggg gtccggccct ccaccgctc 240
   ccgcgcgcgc cgaatcgcgg tcgcgagcca tggaggagga ggcatcgtcc ccggggctgg 300
25 gctgcagcaa gccgcacctg gagaagctga ccctgggcat cacgcgcac ctagaatctt 360
   ccccagggtg gactgagggt accatcatag aaaagcctcc tgctgaacgt catatgattt 420
   cttcctggga acaaaagaat aactgtgtga tgcctgaaga tgtgaagaac ttttacctga 480
   tgaccaaatg cttccacatg acatggagtg tgaagctgga tgagcacatc attccactgg 540
   gaagcatggc aattaacagc atctcaaaac tgactcagct caccagctct tccatgtatt 600
30 cacttcctaa tgcaccact ctggcagacc tggaggacga tacacatgaa gccagtgatg 660
   atcagccaga gaagcctcac tttgactctc gcagtgtgat atttgagctg gattcatgca 720
   atggcagtg gaaagtttgc cttgtctaca aaagtgggaa accagcatta gcagaagaca 780
   ctgagatctg gttcctggac agagcggtat actggcattt tctcacagac acctttactg 840
   cctattaccg cctgctcatc accacctgg gcctgcccc gtggcaatat gccttcacca 900
35 gctatggcat tagccacag gccaaagcaat ggttcagcat gtataaacct atcacctaca 960
   acacaaacct gctcacagaa gagaccgact cctttgtgaa taagctagat cccagcaaag1020
   tgtttaagag caagaacaag atcgtaatcc caaaaaagaa agggcctgtg cagcctgcag1080
   gtggccagaa agggccctca ggaccctcgc gtccctccac ttcctccact tctaaatcct1140
   cctctggctc tggggaaacc ccaccgggga agttgaggca cccttccttc caatttgcct1200
40 aaccagtttc caggagtggg gtgggttttt ccgtggcaca ggttggggcc ttaggggggg1260
   ttggacgttc cathtt 1276
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 109:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 373 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

55 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 5 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 109

15 aaatacattt atgtttcttg aaatgtgta agtggccttt gtcaaggtgt ttataataga 60  
agagtatata aaaatgaatt tctctagaga tgcagcatac tctaaagatc catcattaga120  
taattaaaaa tatgtaagtc atgctaacat ttccatatat aaatggagaa cattaactct180  
cctactgttt agttataaaa taccaaattt tgtaattatc ctatctggaa ttacactata240  
ctgcaaaaat gccagttact tcacttttaa atttgacaat gtatgtgatg aattataaaa300  
tttaatagcc tacatctttt cctccttgta tccaaatttc tccggacctt aatgcttaaa360  
ccttttggtt acc 373  
20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 110:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 492 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 110

45

gtcttttgaa atctgtttcc actacagcta tggcgaagtc tatcagccgg tgctaccagg 60  
agtcactgcc agggctgccg ttctcctgaa ccccagtgcc cagaatcata agccctgacc120  
ccatccctag aaagatgagg tcccagcaat ggccagagca tttctacca gttctgtgag180  
atagcacata aaaatagagt tctttgggca aaacttttgg gaagcaatgc atcctacatg240  
50 ggctgatatt cagcctgagc tgttctcaag aggagagtgg tactggcagt ttatggctga300  
aatccattct gattggttgg agtctatgct ataccagttg ttaaacattt tgagtatcac360  
tcttgcatatc tgttactatt atatttcctc tatatataga cagaaaggcc attttaggaa420  
tatttaaagg gctcttgaaa attttctggc attagaccca actgaaggtt ctattaaggc480  
agggttccta aa 492

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 111:

## 5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1678 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 111

gcctcagcag actccttggg cggtagcagg gagatggtgc aacggcccca gcctgcacag 60  
gaaccgagca ggcctggatc tgccaacccat agacacggga tatgattccc agccccagga 120  
tgtcctgggc atcaggcagc tggaaaggcc cctgcccctc acctccgtgt gttaccccca 180  
30 ggacctcccc agacctctca ggtccaggga gttccctcag tttgaacctc agaggtatcc 240  
agcatgtgca cagatgctgc ctcccaatct ttccccacat gctccatgga actatcatta 300  
ccattgtcct ggaagtcccg atcaccagggt gccatatggc catgactacc ctcgagcagc 360  
ctaccagcaa gtgatccagc cggctctgcc tgggcagccc ctgcctggag ccagtgtgag 420  
aggcctgcac cctgtgcaga aggttatcct gaattatccc agcccctggg accaagaaga 480  
35 gaggcccgca cagagagact gtccttttcc ggggcttcca aggcaccagg accagccaca 540  
tcaccagcca cctaatagag ctgggtgctcc ttgggagtcct ctgcagagct 600  
gagaccacag gttccccagc ctccgtcccc agctgctgtg cctagacccc ctagcaaccc 660  
tccagccaga ggaactctaa aaacaagcaa tttgccagaa gaattgcgga aagtctttat 720  
cacttattcg atggacacag ctatggagggt ggtgaaattc gtgaactttt tgttggtaaa 780  
40 tggcttccaa actgcaattg acatatttga ggatagaatc cgaggcattg atatcattaa 840  
atggatggag cgctacctta gggataagac cgtgatgata atcgtagcaa tcagcccca 900  
atacaaacag gacgtggaag gcgctgagtc gcagctggac gaggatgagc atggcttaca 960  
tactaagtac attcatcgaa tgatgcagat tgagttcata aaacaaggaa gcatgaattt 1020  
cagattcatc cctgtgctct tcccaaatgc taagaaggag catgtgcca cctggcttca 1080  
45 gaacactcat gtctacagct ggcccaagaa taaaaaaaac atcctgctgc ggctgctgag 1140  
agaggaagag tatgtggctc ctccacgggg gcctctgccc acccttcagg tggttccctt 1200  
gtgacaccgt tcatccccag atcactgagg ccaggccatg tttggggcct tgttctgaca 1260  
gcattctggc tgaggctggt cggtagcact cctggctggt ttttttctgt tcctccccga 1320  
gaagccctct ggccccaggg aaacctgttg tcagagctc ttccccggag acctccacac 1380  
50 acctggctt tgaagtggag tctgtgactg ctctgcatte tctgctttta aaaaaaccca 1440  
tgcaggtgcc agtgteccat atgttctccc tgacagtttg atgtgtccat tctgggcctc 1500  
tcagtgttta gcaagtagat aatgtaaggg atgtggcagc aaatggaaat gactacaaac 1560  
actctcctat caatcacttc aggctacttt tatgagttag ccagatgctt gtgtatcctc 1620  
agaccaaact gattcatgta caaataataa aatgtttact cttttgtaaa aaaaaaaa 1678

55

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 112:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 866 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 20 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:112

25 gtcgccatga ctgccaaagga ctgctccatc atgattgcac tgtctccctg tctgcaggat 60  
gccagctctg atcaaaggcc tgtgggtccct tcatcgaggt ccagggttgc cttttccgtg120  
tctgtgctgg accttgacct caagccctac gagagcattc cccatcagta taaactggac180  
ggcaagatcg tcaactatta ttcaaagact gtacgtgcc aagacaacgc cgtgatgtcg240  
actcggttca aggaaagcga agattgcaca ttagttctcc acaagggtcta actctttccc300  
tgcagtgctt ttgaaacttg aacataatgt gaaggctgaa tgatagagat attttctgtt360  
30 gtgttgggtg acctttggtt gtgaatgttt ttgcttttaa ccccttttga ggtgggattg420  
cctcttggag acatggaatt gaagagcact agaaacaact tcctggacaa ggaatgtagg480  
aagtgaagtgc tgtgtcccag gaagctgctc acactcttaa aatggaagtg tccgttaagc540  
cctgggaaga cgttctggat agttcttctt tcccaaccag ggctcatgtc tgattctcta600  
atgcgaaaag ccttattcta agaccgaagg tttggatctg ctaccaccag actcctaaca660  
35 tagaaaactt gaattgtcac atacatttta cagtttggac ttttaagaaa acatggatac720  
tactgggaac ttccccagc tgagttacat gggcactttt tcagtgaag ccacatatca780  
acacagggtt ttaaggtggg tgcctggctg cacacgtgaa ccccgtaggc ccccgatgc840  
cgattctgag ccagtgtaga ccagg 866

40

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 45 (A) LÄNGE: 1434 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 113

```

10      gcgcggccgg  cgcctgcggg  gcgagagggg  cggggcgaag  gggaagctac  gtcccggagg  60
      tgcggtgtgg  ggcaccgggc  ggggcccgcc  gaaccggcgc  cccacggagc  tgctgctgtc  120
      agaccaaccc  cgggccccca  tcatcactgc  gccgcgcttt  caggcgccga  gaactaccgt  180
      tcccggcatg  ccatgaaatt  gccctcgggc  ctgaggcggg  gtccggccct  ccaccgctc  240
15      ccgccgcgcg  cgaatcgccg  tcgcgagcca  tggaggagga  ggcatcgtcc  ccggggctgg  300
      cctgcagcaa  gccgcacctg  gagaagctga  ccctgggcat  caccgcgcatc  ctagaatctt  360
      ccccagggtg  gactgagggt  accatcatag  aaaagcctcc  tgctgaacgt  catatgattt  420
      cttcctggga  acaaaagaat  aactgtgtga  tgcctgaaga  tgtgaagaac  ttttacctga  480
      tgaccaatgg  cttccacatg  acatggagtg  tgaagctgga  tgagcacatc  attccactgg  540
20      gaagcatggc  aattaacagc  atctcaaaac  tgactcagct  caccagctct  tccatgtatt  600
      cacttcctaa  tgcacccact  ctggcagacc  tggaggacga  tacacatgaa  gccagtgatg  660
      atcagccaga  gaagcctcac  tttgactctc  gcagtgtgat  atttgagctg  gattcatgca  720
      atggcagtg  gaaagtgtgc  cttgtctaca  aaagtgggaa  accagcatta  gcagaagaca  780
      ctgagatctg  gttcctggac  agagcggtat  actggcattt  tctcacagac  acctttactg  840
25      cctattaccg  cctgctcatc  acccacctgg  gcctgcccc  gtggcaatat  gccttcacca  900
      gctatggcat  tagccacag  gccaaagcaat  gggtcagcat  gtataaacct  atcacctaca  960
      acacaaacct  gctcacagaa  gagaccgact  cctttgtgaa  taagctagat  cccagcaaag  1020
      tgtttaagag  caagaacaag  atcgtaatcc  caaaaaagaa  agggcctgtg  cagcctgcag  1080
      gtggccagaa  agggccctca  ggaccctccg  gtcctccac  ttctccact  tctaaatcct  1140
30      cctctggctc  tggaaacccc  accgggaagt  gagcaccct  ccctccaact  cctaccagc  1200
      tccagagtgg  tggtttccat  gcacagatgg  ccctaggggt  gacctccagt  tttgcgtgtg  1260
      gaccgtaggc  ctctttctag  ttgaatgacc  aaaattgtaa  ggcttttagt  cccaccgaca  1320
      ttagccaggc  tcgtagttag  gcctccagag  cagggtgtgc  tgtcccctgc  ctctggaagc  1380
      aatggggaat  gtggaatcaa  gacaatgccc  aaaaaatttt  taatgcagct  ggtc  1434
35
  
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 914 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 114

5  
 ttggcagcgg ggagagggaa agaggaggaa atgggggtttg aggaccatgg cttacctttc 60  
 ctgccttttg cccatcacac cccatttcct cctctttccc tctccccgct gccaaaaaa120  
 aaaaaaaagg aaacgtttat catgaatcaa cagggtttca gtccttatca aagagagatg180  
 tggaagagc taaagaaacc accctttgtt cccaactcca ctttaccat attttatgca240  
 10 acacaaacac tgtccttttg ggtccctttc ttacagatgg acctcttgag aagaattatc300  
 gtattccacg tttttagccc tcagggttacc aagataaata tatgtatata taacctttat360  
 tattgctata tctttgtgga taatacatc aggtggtgct ggggtattta ttataatctg420  
 aacctaggtat tacccttttg tcttccacag tcatgttgag gtgggctccc tggtaggta480  
 aaaagccagg tataatgtaa cttcacccca gcctttgtac taagctcttg atagtggata540  
 15 tactctttta agtttagccc caatataggg taatggaaat ttcctgccct ctgggttccc600  
 tctttttact attaagaaga ccagtgataa ttttaataat ccaccaactc tggcttagtt660  
 aagtgaagtg gtgaactgtg tggcaagaga gcctcacacc tcactaggtg cagagagccc720  
 aggccttatg ttaaaatcat gcacttgaaa agcaaaccct aatctgcaa gacagcagca780  
 agcattatac ggtcatcttg aatgatccct ttgaaatttt ttttttggtt ggtttggtt840  
 20 aaaatcaagc ctgaggctgg gtggaaacag gtagcctaca caccctaaat tgggggtggt900  
 cccgggggaa tggt 914

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 115:

25

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 685 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

30

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 115

gaaaatccag gggatgaaga tagatctgtg gtggcagggg tgggaaaggc ggggaggatt 60  
 tgccctactga ggggcagcac aagagaattt tgcggggcga tggatctgtc tgtatcttga120  
 50 ccatagtgtat gatacatgac tgtgcatttg tcagaactca caggactgaa tgaaaagaga180  
 agtgaatttt actgcatgtg aattgttaaa ataaatgcta gacagtattt taaaaatcaa240  
 gccagatcc tgcaagacat tatggctccc caccagaagg ggagagacgg ggaaagagaa300  
 gtgtcccca agttaaccca cgttccctgg gaccacctc cctccccact gccacttccc360  
 accagcctca cgacagggcc aggccttcc ctttgagct cacagcccag cagatgttag420  
 55 gtcagaatgc gtcccctcac ttgactaaag gtttacagcc agcagggtgg gaaatgaacc480

agatattaac acccctcct ccatgcctg cccaccttct gggccagtac cagtgaaggc540  
 aggaagccac ttctcccacc ccaggtgt tcccaaagcc ctggaagaac ccaaggaaag600  
 gcaggagcca agttgggagt tgacctgat gaccaggggc cagttggccc agtttccctt660  
 gtttagttgg ggggagggaa ccctt 685

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2646 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

10

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

15

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

25

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 116

30 ttaatttaaat agctttcatg tgattaaaaa tagctaacta gactcaagga ttcacaatat 60  
 ttaggtgtat tttcaatacc tccagaaagg aaacctcagt taatcagagg aaatagtttc 120  
 agtcttcatt tgagcatgtc tttccatctc aaaaaaatac tcttagtagg ttggagtga 180  
 gatagcaagg ttttgaagca tatgtgtcct aatccacagt gacacttttt atcttcagg 240  
 agcactccta ggaggttccg tgccaatca atgttgactg ctttgcatat ctcaaggga 300  
 35 taaaatgaca aaagcaggga aagttacaga ttcaaacagc attttaactc atgttgatct 360  
 ggataattaa tcttttctaa agatgtgtag tttcttgga aacagtgata tcacatgatt 420  
 aaaattacat ttttatcaac ataattgtct ggaaaagata agccctcaa ttttctacca 480  
 gttgactttt attcattaga tacagaaggt gcagtattac acatcaccag ctgcctttgt 540  
 gaatggctca ctacacagcc attggggtag aactgtgtgc atgggcagaa acagcaagt 600  
 40 ccctcattgt ggtcattggg tggggagtgc cttttgtcaa ggagtctgca ggaattggct 660  
 tatttctgta tgccaaagtg atcaacacac caaagtctct gccataaaga atgtggcttc 720  
 cttgcatcct ccactctgtt actctgggcc cagtaatttg atgtaactgt ctgattgtac 780  
 tagagacagg agtataccca gcttattcat aatcaagtaa agagactcag attagatttg 840  
 atttttttagc ctctctaga gccaatcagg cagttaagag taataaagga aaagggtttg 900  
 45 gtcacaaacc ctaccattat ctggagatta ctctctgtc cactcctgtc ttgccatgca 960  
 cgtcttgccc cctcactttt gctcagccta gcagtctact tcactttatt gccttgtaag1020  
 tgtcaggcct cctgggcgct ctggaaaaga caggagacca ggcctctca cccctactgg1080  
 taacagggtca ttgctgggtg cacaagaggg aggtgatttg catcatggtc atgctgcatg1140  
 ggcttcactg gtagtctgtt aaacaccaga ggagccaacc tatcagaatc ccagcagcaal200  
 50 aggaaaaactc agattttaga ggctttttac aataaagtag cgtaactcta ggtcatgatt1260  
 gatttcaaat gcctgccatg aatgatttgt aagtaattat gtaggatcca tcaaagcagt1320  
 attgtaggct tttgaattgt ccagtggtat cggggacccc atttactgt ctctcttgat1380  
 cgtgttaatg atgcaatcag agttcaagac agggcccatg aagtctgact gcactgggat1440  
 ggagaaatga atttcttccc actgaaggaa actctttctc attcgagacc aagacgggag1500  
 55 tgccactgtt cctctcttca ctctctgagat actgctctc gaagcgggtg tcaacttctc1560  
 tctagtacct ctctctctct ctgaagtgtg tgactatctc ctagtgttta aatttggcag1620  
 ttactcgcca tgtatgtcag catagaaaag gaaatgtttt taccttatct cctgtatgta1680

```

    tgatagaact taaaagaaat gtgcatttgt tttcatagcc ccagcagaga aaatcctctt1740
    catagattaa atgtgctgct gtggacagga gggaaaaaaa aacctctac atattgaaag1800
    gcaccaaag taatatctga cactgttaag atgcccaaaa gagcaaagtt gtagtggaga1860
    tgcagggtca tttcccatg ccatccacag tgtttgttag tgagtccacg gctgacttgc1920
5   agtgataaag aaaagcatgg agctgtgtct gcagacaatg gtggctgcat ctgtaagtgg1980
    cttcagaggc agcagccctg gggaaattga tgggtgtggc agtggacctg tgaagaggga2040
    gaatctagcc ttcagcctgt ccagtgttaa ccactagaga aactgagctt tatatccttt2100
    tttaatgcct gtgaatttta gcatattgaa acattagagc aaataactcag gggatttttc2160
    attaaacatc cctcagataa tttagctata tatcattaga aagggaagc tatcattttt2220
10  attttaaaac taaacaaggc catcttataa actgtcacca aagtcttccc ttttttattg2280
    catgtgtgcc ttgaatttca taaaacatta attcacaatg ggggtcagaa tgtactcttg2340
    ttgaaacact tcttgtacca ttttatgttc atattatgtt tgagagggta aaaatgtatg2400
    agcagcttaa ctgaagtaga actattcatg atgcttttca cacattgtgg cataagatgt2460
    aaagtttga attaatgtta atttctgtgc attttaatat tcttttataa ttattaatgt2520
15  taatttctgt gcattttaat attcttttat aattatgagc attttaataa attcattttt2580
    acaaacaata aaaaaaaaaa aaaaaaagga ggaagggaag aggaagaagg aggggggaag2640
    aggaag                                     2646

```

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 117:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 2667 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 40 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 117

```

    ttatcttggg agtctgtgta tcaaaatgaa gaattcagat ggtaggaggt tctatagtcc 60
45  ttttaaagct gactcttgag tgtcagttga atatccatta aattggattt ggaaataacc 120
    tgaggaaagt attatgaatt cgatctgcac agatgcctct tagctgatag gtggcaggcc 180
    tgtgggtttg ggttctccct cttttctctg gaacatata caattccaga ttaaagaaaa 240
    atgtttttta ataaataccc ttgggtctttc ttctagtcac ctttgaggta gatattgtga 300
    ttttctggag tatagtatat ccgtgtctct gtgtcttagg ttactagat gcaataatac 360
50  ttctctttga catttgtact gaagtgtatt gatattaagt aaaacagtta atgtttgaat 420
    ataggcatat ttataggttt tttccgctcc cccccaaccc acccttttta aaaaatctat 480
    acaaagccct tgtttgagtc tcatcatgca catcaaatca tggagttagg tcttctctga 540
    gctcagggga acacaagtgc acagagagag atgtcttgag ggtcactacc aaagaattac 600
    cctcattgtc cctcactcag gccatgtgta catgcgatgc tgctgagtgt gctgggggtg 660
55  gtgggtggcca cgtgggtccc ccagagcact tcctaactgg caagctggga gaccattac 720
    tgggtgaact tgtggaaatt agaactgtat cttttacata atcttggcat attacatttc 780
    ataataaaaa catacattta gttgcatgct acatcactat tgattttata attaatctct 840

```



```

5  taagcttcaa ccatgtttta taccttattt cgttacatca tatatttgta atgtgtaata 900
   tgaaatcttt tgctttaatg tcttttttta aaatgtagaa tgttctaaac ttgaaaggca 960
   attgaatgta gtatgatgaa aatgtgaatg ttttgctgct ttcattgacca aagatacagg1020
   gctagtggac atttagaata ataattaaag ctagagtctt gtatgtcttt tctttgaagg1080
10 agttctaacc ttgtaaattg agaatgactt cagagaattt tgattaagaa aacattaaaa1140
   tcttaaccgg cacaaacact ccaatttttt tcaactgtgaa gccgcaagca attttttttc1200
   tttttctttc aaaagcctgc cttctgaatt tatttcttgt ttactcattt cagagaggg1260
   agtaaagaag atctatttct ggtagtata tcgcttgaaa ggtattggta aatgtgttt1320
   cagtgcgtgac catgtggaaa gtgaacagtg ttggcaaaac ttaccgagaa aatcatgctt1380
15 ttcaagatgc ccttgctttg ggatattcctt cctagggaga aaaaaaaaaa gtagtttaac1440
   aattgtgaat tccatttctt atttcagttt ctgctgcagt aatgggttcc caccactat1500
   aattcccagc atttatgttc tgttgatttc tccccctagc ccagtaacat ttttatcta1560
   taccaccattc cccaagtttt gagacagatt gacccccctac tcattatgtg gctctagtt1620
   aattttaaaa tgtggaatat tgggcttgca ggcagtagga gctgcaaate tggtagagt1680
20 ggagtgtgga gttaattggg agtatgttaa taaagggaaa ctgtctctga cagaatctca1740
   gtaattgttta ccaaaacatg tctttctaca gctggttaga taaatgatgc taccctgtag1800
   ctcagctaca ggctgcagtg caaacttttc ttccatccag agaaagcaga attccctcct1860
   agtaacctca ttacaaatac tgttactaga agggcatgtg ctgtctgtca ccttcagtaa1920
   tatttgctgcc atctcttgat gactgatgac ctggatcgag tatttctatg aagggctctt1980
25 ttagggccct tacatacgca agaggggtgc tctagtcca tagctgtagt tcacaggaag2040
   gacaccagga gaagtatac ctagggtcac tgagcagctc atcatccctg tttctgcaca2100
   gtttcctgaa actggccatc agggcctctg aggcactcaa atcagtttac ttttagcatg2160
   ccccatcag ggtgggtctc actgttagtg aggatacggg tctggttga tgttttcta2220
   ggcaaaatgc ttaagtgttc tggttatgcc attcattcat acgatgtgtg aaatttgctt2280
30 aaaagggaat tttcatgatt tgatttagat tagtatttaa atatctgctt tagatagcaa2340
   ttaattttat tgtaaaaata aggaaaaata tgtgaatatg tgaattttt aagcctgaga2400
   gatgatagaa tgttcccata ttttcttgt aaagaaaaata atattttaac ttacacatcc2460
   ttagaaaaat accacctttt ccccttgtat tacagtacaa tgtttacatt actatactgt2520
   caagctgaaa gtataaaaaa tgtacatata cattttgagt tatgtatcct ttttttaaaa2580
35 aaagggtgcg ggctgtggca ctgggtgga catgactaaa gttgacagag gctatgctag2640
   atttataatc actagtctct ggacttg
                                     2667

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 118:

35

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 544 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

40

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

55

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 118

```

catctgtgca tggatgagt ggcgactttg gagcccaggc tgttacttcc tggctctggtg 60
gtgaatcctc catagtctga gagtaagatc cttgatactg gctcagcatg gaacatctgg120
cacacagtat gcaactgagga aatacttgtt ggaataatca gtgaatcata gatgaaaact180
taaccttgga attaattatg agactgctca gaggaagaga atgggagaca aaggacctgg240
5  tgattagacc cccaagacac tgggctgtct gcttgtgtct cgggtggaac aggcccagcg300
agagtcttta gggccagaac tcaaggaatt tattgagcca tggcaaacag gcagtaaaca360
gcccattctg gctgctgtat tgagaagaga atgtggtgga cagatataga agcatggaaa420
cctgataggg ctattgcaat cactcagaaa agaggcgatg gcagcttgga cctgttgaag480
cagtagagtg ctttccaggg aggagaaagg acctgaaggt taatttgatc accatggggcc540
10 atga 544

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 119:

## 15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1340 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 119

```

gtttgatact ttcctgcact taggtttgtc ctattcttca tttattcaga ctaggataga 60
aaattttggga atcagaaaaat agatccagtg tttagctaca tacaatctag tacaagtga 120
tttttattct taaacatagg tgtgttggtc ctttttttaa aagatgcgct ctacctgaaa 180
40  aggaaattgg attttagaac tggatgtggt gcagtgaagt attttaggcc caggctctgtg 240
tacacatttt atagaagaaa tgaagtactc tgaagtattt tgggtgcctt ttcatttcaa 300
ctgtgttttg aatttgtcag atcacacata tattgtgtta ttgggcgctg tggatatctt 360
tataaaacct cttgcttgtg tgcaaaaagt cctaaaagga aacacaagta atgcctatcc 420
attactagca tgctatgctg catgctttac tgccattgct gtatgcttta ctgtctttgt 480
45  aaaaaatccc ctctcccctt ttctggtaac tggaaaagca tgctaaaaat agtcttata 540
tttcacccca taagtgcaga atcagtaatt ccttggctta aagctcttat ataataata 600
ttattggtgg taaataccaa gtttggatc tcatagctat ctttttttaa agaaattaag 660
ttcttgaaaa tttagccaaa tcccgtttta tgggaatgct ctttagaatt cattttgttc 720
agcccccttg ttctatgggt gagaaatctg aggccttacg aagggttaaga gaactttccc 780
50  cgtgtctcac aggtaggtag aggcagagct ggaactagat atctggtctg ttgactctag 840
ctcagtgtct tctggttaact gttgaaaatt gtcttagttt gagagatggc tgaataatg 900
aacataaaaat gctatttata ataacaagta tatgtgaaat ttcttattgt aagactacta 960
ccggcttact gttgaatagt ttggttatag tgtttaggct agaaatgcct cccacattgg1020
taataaacat taaaaatac aatgtatttt taggtaggca ttttataaaa tgcattatgc1080
55  catggttgct tttgagatag attgtagtct gggtagcatc tttaaaatgt atgtgggctt1140
aactgttggt catatcagga gatgctctga ttgtataggt gagactctgt ttctgttatt1200
tttaattgct gtatgaaatg tgatcagatt attttactac caacagttat agtttgaaag1260

```

tcctaactgta ttaattgact gataatatga taatatagag attaaattgt ttgtcttcat1320  
tccttaaaaa aaaaaaaaaa 1340

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 120:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 2376 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 120

30 ggatatgaat aaattggttaa tataaagtcc tacagaaatt aatttatgaa atttctctaa 60  
atcacacaaa acttaaatatc agatgactac taccttgaga ctgaaaaata tgttctaatt 120  
tatagtgtc tttttgggca gttttggtgt cagaatacct atcaacacat tcttttttta 180  
ttaggaaaaa aaggatgtct acataacaat ttgtaaagt ataaaatcca ttagttttta 240  
agtcttctga tagcattggc tattataaga aacaagtatt tgctctcggt tttaacggga 300  
taataatgct atgtctacat aaaatgattt ctaccacctt aaatagctca ctgtagaaat 360  
35 tcatgtataa atggaacct atagtacata catatcatat tcttaggtct ggcaaatatt 420  
tgaggttcat ccatatttta tattcactca tcagtagttg taaacacatt cttaaagtag 480  
cattttcaga tatgaataag cagggatgaa ataagtatta gggttaaggga aatggttgag 540  
gctttcctaa gtgaagtgtt aaaaccacag ctttcttttt aatgggatgt ctaatatgca 600  
tttatctgtt caagcatttt aagattttcca tgaaaatgtc ctgaaaaatc aagattcttc 660  
40 attgaggggtg aggatctccc aatgggagac tgctctgaaa agagcatgtg ctttttgaat 720  
tagataacct actataatca tggatgttct tgaatactta gcaaacatac cagcatccca 780  
aagtcaccaa gataaacctt cctactccaa catcacatga tcttctaatt ctacctgtaa 840  
aaataagcat aacaattaat tagaatataa ttacgttata tacattactc cacttagaaa 900  
aaaaaatagt tcattatgta gagaaatgct ttttttagta catagagaaa taaaaaatatc 960  
45 agatactcac tagtgaacaa aaaatgtcca aagccagcca caacagatcc taatgaacca1020  
tacaatattg aatgccgggc gcagggagta ttttcaacat ctaaaaatcc taggagctta1080  
agggactaga atgaaaaaaa agaacctaga ttgagtaaga aagtatttca ttttgggggtg1140  
ctttggcaaa aatgacaata caccatttct tttcttgtag ttgagggttt aaactagagt1200  
atgtgccacg tgacaacctt aatcagcttg cgttgtcttt gtccaccttt ggtatgcagt1260  
50 ctgaatcttt aaatccgaaa accttataaa ttggaccgga aaaccttaa gcagtagggt1320  
aacttgagc tgtatcttaa tttgctaata aactgacttg gaaataggat aattcatttt1380  
atgagctctt taaatgagtt tatttgggaa tatgcctatc attggaattg aaagcagcat1440  
agcttgcttc agtaactcca ataatttggg aagcagaaat ggaaaaagta atttgagtca1500  
tgtttgctta tgtagtgccg tttaaaattc ccctagtaat tacctttcat attttattaa1560  
55 ctaggttaac atcaactgtg gttgtaagag taaatgttcc accttaagat aaacatgggc1620  
aatatattaa actctagtct gttttcttgc ctgtgaagtg aggctgcact tgattatatt1680  
tgattctttg ttcgtaatac atgggaacga cagctaagtg tggtgaaaaa cgcggggatc1740

caaagagctg gattttttatc tcagatctgc cgctaacttt tgtatcctat aggctacttt1800  
tattttctatg gtctcaatct ataacatgaa tgggttgggt taaatgactg aagttccttc1860  
aagtgtctaaa attccttttc tacagtcttc attggattta tgtatttctt attcctaata1920  
5 tgtttaactg ggatgtctgt cactctaggg cggcaagaca gacattttaa agtaacagtc1980  
acactgctga actggcattt ctgttaacac aaaagtttag aaaactcacg gtaactgtta2040  
cttgatttaa gtgtatataa aattttcagt aaggctgctt ttaaaaggaa ccactgtcca2100  
tttaaagggtt tcatagttat cttcaatggg ttagtattgt ttggggcagg acattaaact2160  
agaagggtt ctataggatg aggtgatacc tagaaggtaa tatattgtaa ggcaaaagag2220  
attagaagaa atggggggaa aggatagtaa aaggcaagtc agattaaagg gttgaaacat2280  
10 gaagatatcc ccattgtatt ccggcccat gtttgccctt tttggctcca gcatcggtt2340  
tggaagaggc caatgtgcc tgggtcccta ataaag 2376

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 121:

15

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 225 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:121

cagttgtgaa gttttgtaa atggtcaccc aacttaaac taggaaatta cgaagaagag 60  
aaaattgccc ggtatctgtt aaggctctgcc tgtagatctg ctgtagggt tgtcaccatt120  
40 ggaagcaagg tcctacttca gtggcagatc ttgtggcctt tgagtggctg aagaccacca180  
ccctgcacag ggctggggcc atgcacagc atccttcctt acctt 225

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 122:

45

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1967 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

50

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 122

```
15 acggggcggcg cccgcgctcg caggccactc tctgctgtcg cccgtcccgc gcgctcctcc 60
gacccgctcc gctccgctcc gctcggcccc ggcgcgcccc tcaacatgat ccgctgcggc 120
ctggcctgcg agcgctgccg ctggatcctg cccctgctcc tactcagcgc catcgcttc 180
gacatcatcg cgctggccgg ccgcggctgg ttgcagtcta gcgaccacgg ccagacgtcc 240
tcgctgtggt ggaatgctc ccaagagggc ggcggcagcg ggtcctacga ggagggctgt 300
cagagcctca tggagtacgc gtggggtaga gcagcggctg ccatgctctt ctgtggcttc 360
20 atcatcctgg tgatctgttt catcctctcc ttcttcgccc tctgtggacc ccagatgctt 420
gtcttctctga gagtgttgg aggtctcctt gccttggtg ctgtgttcca gatcatctcc 480
ctggtaattt acccgtgaa gtacaccag accttcaccc ttcatgccaa ccgtgctgtc 540
acttacatct ataactgggc ctacggcttt ggggtggcag ccacgattat cctgatcggc 600
tgtgccttct tcttctgctg cctccccaac tacgaagatg accttctggg caatgccaa 660
25 ccaggtact tctacacatc tgcctaactt gggaatgaat gtgggagaaa atcgctgctg 720
ctgagatgga ctccagaaga agaaactgtt tctccaggcg actttgaacc catttttttg 780
cagtgttcatt attattaac tagtcaaaaa tgctaaaaata atttgggaga aaatattttt 840
taagttagtg ttagtcttca tgtttatctt ttattatgtt ttgtgaagtt gtgtcttttc 900
actaattacc tatactatgc caatatttcc ttatatctat ccataacatt tatactacat 960
30 ttgtaagaga atatgcacgt gaaacttaac actttataag gtaaaaatga ggtttccaag 1020
atttaataat ctgatcaagt tcttggtatt tccaaataga atggactcgg tctgttaagg 1080
gctaaggaga agaggaaagt aagggttaaaa gttgttaatg accaaacatt ctaaaagaaa 1140
tgcaaaaaaa agttttattt tcaagccttc gaactattta aggaaagcaa aatcattttcc 1200
taaatgcata tcatttgtga gaatttctca ttaatatcct gaatcattca ttttagctaa 1260
35 ggcttcatgt tgactcgata tgtcatctag gaaagtacta ttcatggtc caaacctgtt 1320
gccatagttg gtaaggcttt cctttaagtg tgaaatattt agatgaaatt ttctctttta 1380
aagttcttta tagggttagg gtgtgggaaa atgctatatt aataaatctg tagtgttttg 1440
tgtttatatg ttcagaacca gagtagactg gattgaaaga tggactgggt ctaattttat 1500
atgactgata gatctggtta agttgtgtag taaagcatta ggagggtcat tctgtcacat 1560
40 aaagtgccac taaaacagcc tcaggagaat aaatgacttg cttttctaaa tctcagggtt 1620
atctgggctc tatcatatag acaggcttct gatagtttgc aactgtaagc agaaacctac 1680
atatagttaa aatcctggtc tttcttggtt aacagatttt aaatgtctga tataaaacat 1740
gccacaggag aattcgggga tttgagtttc tctgaatagc atatatatga tgcacggat 1800
aggtcattat gattttttac catttcgact tacataatga aaaccaattc atttttaata 1860
45 tcagattatt attttgaag ttgtggaaaa agctaattgt agttttcatt atgaagtttt 1920
ccaataaac caggtattct aaactgaaa aaaaaaaaag tcgacgc 1967
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 123:

50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 612 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
55 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 123

15

```
cctagctgtc cccctgagat gaagaaagag ctccctgttg acagctgcct gccccgctca 60
ctcgagcttc accctcagaa gatggatccc aagagacagc acattcagct cctgagcagc120
ctgactgagt gcctgacggt ggacccccctc agtgccagcg tctggaggca gctgtaccct180
aagcacctgt cacagtccag cttctgtctg gagcacttgc tcagctcctg ggagcagatt240
20 cccaagaagg tacagaagtc ttgcaagaa accattcagt ccctcaagct taccaaccag300
gagctgctga ggaagggtag cagtaacaac caggatgtcg tcacctgtga catggcctgc360
aagggcctgt tgcagcaggt tcagggctcct cggtgcccct ggacgcggct cctcctgttg420
ctgtcgtctc tcgctgtagg cttcctgtgc catgacctcc ggtcacacag ctccctccag480
gctccctta ctggccggtt gcttcgatca tctggcttct tacctgctag ccaacaagcg540
25 tgttccaagt ttactcctac agtctgcaag gttacagggt ggttggggga gaaatgccgt600
tttggggttc ca 612
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 124:

30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1183 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 124

```
tttcggcaca gcatgaatgg ctgcgagaag gacagctcgt ccacagattc tgctaacgaa 60
aaaccagccc ttatccctcg tgagaaaaag atctcgatac ttgaggaacc ttcaaaggca 120
```

```

cttcgtgggg tcacaggccc aaatattgag aaatcagtga aggatttgca acgctgcacc 180
gtttctctaa ctagatatcg cgctcatgatt aaggaagaag tggatagttc cgtgaagaag 240
atcaaagctg cctttgctga attacacaac tgcattcattg acaaagaagt ttcattaatg 300
gcagaaatgg ataaagttaa agaagaagcc atggaaatcc tgactgctcg tcagaagaaa 360
5 gcagaagaac taaagagact cactgacctt gccagtcaga tggcagagat gcagctggcc 420
gaactcaggg cagaaattaa gcactttgtc agcgagcgta aatatgacga ggagctcggg 480
aaagctgccc ggttttctctg tgacatcgaa cagctgaagg cccaaatcat gctctgcgga 540
gaaattacac atccaaagaa caactattcc tcaagaactc cctgcagctc cctgctgcct 600
ctgctgaatg cgcacgcagc aacctctggg aaacagagta acttttcccg aaaatcatcc 660
10 actcacaata agccctctga aggcaaagcg gcaaacccca aaatggtgag cagtctcccc 720
agcaccgccc acccctctca ccagaccatg ccggccaaca agcagaatgg atcttctaac 780
caaagacgga gatttaatcc acagtatcat aacaacaggc taaatgggccc tgccaagtcc 840
cagggcagtg ggaatgaagc cgagccactg ggaaggggca acagccgcca cgaacacaga 900
agacagccgc acaacggctt ccggcccaaa acaaaaggcg gtgccaaaaa tcaagaggct 960
15 tccttgggga tgaagacccc cgaggccccc gccattctg aaaagccccg gcgaaggcag 1020
gcacgctgca ggacacctcg ggagggccag gggcctttcc ggggttagtt ttcggttagg 1080
ggttttcaca gttgcatttt tttgccccca cggaggatta ggaagttttt ccacagatgg 1140
caggcatttt ttttgagttc cccggttttt gacgttttgg ttg 1183

```

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 125:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 891 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 40 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 125

```

cggaggcagc ggaagaccga gccaggcgcc tgcgcgctgg gaagagtagg ttcagagtgc 60
45 attccggaac ccggggcgcg gcgcactgcg caggcgggcg gactccgctc agtttccggt 120
gcggcgaaca ccaaggtccg ggaacttaag cattttcggt ttctaggggt gttacgaagc 180
tgcaggagcg agatggagggt ggacgcaccg ggtgttgatg gtcgagatgg tctccgggag 240
cggcgaggct ttagcgaggg agggaggcag aacttcgatg tgaggcctca gtctggggca 300
aatgggcttc ccaaacactc ctactgggtg gacctctggc ttttcattct tttcgatgtg 360
50 gtgggtgtttc tctttgtgta ttttttgcca tgacttggtc gctgatatct aaattaagaa 420
gttggttctt gagtgaattc tgaaaatggc tacaaacttc ttgaataaag aagacaggac 480
tctcaataga agaatttcac atctccaagg gacccttctt ttcattttac actttgttac 540
taatttgca gaaacttatta attgggtagg atttcaccca ttcctagcta agttcttaaa 600
attaaaccct ttgggttcgtg tttaaaaact ttcaaaccat tgatggcttt acaggggctg 660
55 aatataaaag catttgtaact taaaggtctt gtgtattcat taagaaatat agtaatgtct 720
tttaattgtt taagagttga tcagggggtt actatggatt gcaagtaata gggatgatta 780
ataaggggaa ggtttttatg gaatttcaaa agtcaattta tttcaaaagc gggggaaagg 840

```

gttttgagag gagggggggcc caaggtgttc ctgggggttg ccgagggagg c

891

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 126:

5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 482 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 126

30 tctctaaata gtaccttttc agtcttgccc cagaagttcc ctcaatttca gcagcaccga 60  
gcggtttata attcattcag ttttccaggc caggcagccc gctatccttg gatggccttt120  
ccacgcaata gcatcatgca cttgaaccac acagcaaacc ccacctcaa tagtaatttc180  
ttggacttga atctcccgcc acagcacaac acaggtctgg gagggatccc tgtagcaggg240  
gaagaagagg tgaaggtttc gaccatgccca ctgtcaacct cttcccatc attacaacaa300  
ggacagcagc ctacaagtct ccacactact gtggcctgac aacagaactg agaggagagg360  
attagactct ggggtgcttg catgggcaac tggattttg catgattcct ttatgatttt420  
gcttttaatg tatacaccca gaagagccaa tataaacgtt cctcatgcct aaaaaaaaaa480  
35 aa 482

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 127:

40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 610 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH



## (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 127

10 ctcgagccgt gggcagtggc cgcgaatgcg cggagacact gaccttcagc gcctcggctc 60  
 cagcgccatg gcgcctcca ggaagttctt cgttggggga aactggaaga tgaacgggcg 120  
 gaagcagagt ctgggggagc tcatcggcac tctgaacgcg gccaaagggtgc cggccgacac 180  
 cgaggtgggt tgtgctcccc ctactgccta tatcgacttc gcccggcaga agctagatcc 240  
 caagattgct gtggctgcgc agaactgcta caaagtgcact aatggggctt ttactgggga 300  
 gatcagccct ggcatgatca aagactgcgg agccacgtgg gtgtcctgg ggcactcaga 360  
 15 gagaaggcat gtctttgggg agtcagatga gctgattggg cagaaagtgg cccatgctct 420  
 ggcagaggga ctcgagtaa tcgcctgcat tggggagaag cttagatgaa agggaagctg 480  
 gcatcactga gaaggttgtt ttcgagcaga cagaggggtca tcgcagataa cgtgaaggac 540  
 tgtggcaagg tcgtcctggc ctatgagcct ttttttgggc catttggtgc ctggcaaggc 600  
 cttcaaacag 610

20

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 128:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2072 Basenpaare

25

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

40

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 128

45 gggatcatgta ggtacaacag caaccaagaa gatcgatgac tacctgccct ctgcactcga 60  
 gccaggacag actgctgcca atgaccgtgg tgacaatggc cagcgccagg gtgcaggacc 120  
 tgatcgggct catctgctgg cagtatacaa gcgaaggacg ggagccgaag ctcaatgaca 180  
 atgtcagtgct ctactgcctg catattgctg aggatgatgg ggaggtggac accgatttcc 240  
 ccccgctgga ttccaatgag cccattcata agtttggtt cagtactttg gccctgggtt 300  
 50 gaaaagtact catctcctgg tctgacatcc aaagagtcac tctttgttcg aataaatgct 360  
 gctcatggat tctcccttat tcaggtggac aacacaaagg ttaccatgaa ggaaatctta 420  
 ctgaaggcag tgaagcgaag aaaaggatcc cagaaagttt caggccctca gtaccgcctg 480  
 gagaagcaga gcgagcccaa tgcgcgggtt gacctggaca gcactttgga gagccagagc 540  
 gcatgggagt tctgcctggg ccgcgagaac agttcaaggg cagacggggt ttttgaggag 600  
 55 gattcgcaaa ttgacatagc cacagtacag gatatgctta gcagccacca ttacaagtca 660

```

5  ttcaaagtca gcatgatcca cagactgcga ttcacaaccg acgtacagct aggtatctct 720
   ggagacaaaag tagagataga ccctgtttacg aatcagaaaag ccagcactaa gttttggatt 780
   aagcagaaaac ccatctcaat cgattccgac ctgctctgtg cctgtgacct tgctgaagag 840
   aaaagcccca gtcacgcaat atttaaactc acgtatctaa gcaatcacga ctataaacac 900
   ctctactttg aatcggacgc tgctaccgtc aatgaaattg tgctcaaggt taactacatc 960
   ctggaatcgc gagctagcac tgcccgggct gactactttg ctcaaaaaca aagaaaactg1020
   aacagacgta cgagcttcag cttccagaag gagaagaaat ccgggcagca gtgacactgg1080
   cctccagcct caatctgttc cgtagctcag agcctgcctg ccagggccaa gtgccctaga1140
   gcccacccgg tgctcctgaag tcctcggggg gaggccagcc cctggctcac tggcacaggg1200
10  cagggtgggct ctcggggaag gtgtcggggg ccccttagga gggagcgctg gggacattgc1260
   catgggacgg aagtctgctt ggcagtggtt ttgataagcg atgcttgggg gtcagaccac1320
   cccctagagg agccacgtgc cgcccagcca ccttcaatgc ctgccaccct gcccgaggat1380
   gtacagagcc gtgcccacac atttccttgc aacttgatca aatttcttaa agcaaacaac1440
   aaaaatgtac atttctgttt ttctttttaa taaacagggtg tactctttat catggttgg1500
15  atgatggacc attctttggg gcggaggatt gattatgtta ctctctttaa aatctgttcc1560
   catattgaac aggcagattg gaaaagctat gggtcgattt ctcagaagaa atgtttagg1620
   cttagtcaat agttttaact atgccatttg tttaaataag tgcatttgct tcgagggtag1680
   tgtcttacta aaagttagga acagagacct agtggtgtgt ccaaggccgt gtcactttcc1740
   ccttcagcac accccagctt ctgacctcag agcccaggag ctgctgggac agtgtgggg1800
20  gccaggagga ggggcggttg ctggtcctca ggacgctgc actcccagcc agacatgg1860
   tttccgtttc ttaagtagca agttagggtt tcagctggca gttccacctg catgttctct1920
   gcttcgctgc cttggaaggg gccacattcc ccattcctct tctccttaca gcgcctgcct1980
   cctttttaag caggcggaaa gctgctgttt ctcacgtttc agggagaggg gtgaccagga2040
   gactgtgtcg tgcgtcggtc ctgggtggac ag
25

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 129:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 30 (A) LÄNGE: 980 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:
- 45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 129
- 50
- ```

   tttatggagt tagagcaggg gaacttaaaa acaaaagtgt atttaataac ttcatgagac 60
   tgtgataacc agtttatatt tgaaatatat acagcacttt gggagactga gggttgacct120
   tgatagtcct ttgcacagtg atcttcagat cttaaaagaa aaagaaggca tagaatatat180
   tttgcttaac ttctctttta aggataactt tccatttgat cctccatttg ttcgagtgg240
   gttacctgtt ctctcaggag ggtatgtatt ggggtggagga gcattatgta tggaaacttct300
55  cacaaaacag ggctggagca gtgcctactc aatagaatcg gtcacatgc aaataaatgc360
   caccttagtc aaaggcaaag ccagagtgcga gtttgagca aataagaatc aatataatct420

```

```

agcaagagcc caacaatcct ataattccat tgtacagata catgagaaaa atggctggta480
caccctcca aaggaagatg gctaaatatg ttgactgttg tatgtttgga ctaatgttgc540
tttaagaaa atctttccaa catgcagaca aaagctttga gtgccctat tacagcagta600
ccgaagatgt tagttaatag atattttagt ggataatctg tcatctgaca tccagtataa660
5 gttacagcct tcgcattttg ctcatcttag atatcttgga ctgagcagtg gggcctttac720
tgtatttttc ctgataaata cacatactgg ccactcctta tctctttttc ttgaaaagt780
aactttttta aggcaagcaa gtcaacatca gggctactga agttggaggg ctttaggggt840
aactttccta tattgagccc atgggggttac aagggtttgg caatatattg ttccctttta900
cagccaatac aggttttaat cggatgtttc aatattgggt ttaggggatt ttaagggccc960
10 tcttaagtca taatagccct                                     980

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 130:

## 15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 792 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 130

```

ctgtttggca gggcggggcg cctcgcaag atggtggcgc gcgcgcgctg tggtcccggt 60
cgtctggcca agtctcagcg cagcaaccg gccggcgctc cggtggcctg gagccacac120
ccaccgggtc cctgaccccg cgcccccg gcgcgggtcc cgcatgcct cgccccgta180
40 agggaaacac gtcgggaag ggtggtcagc gccgtggagg aggtgcccgg agcagtggcc240
aagctgactc gggttccagt gacgatgagg cagccagtga ggcccgagc accgccagt300
aatgccccag cttctcagc accactgcag aggacagcct tgggggggat gtcgtggat360
agcaagggcc agcaggaaga ccttgaggaa aagctgaagg agtatgtgga ctgtctcaca420
gacaagagtg ccaagaccg gcaggtgcct cttgagagcc tgcgcctggc cctagcgtcc480
45 cgctactcc cgcacttctt gctggagcgc cgctcacgc tagccgatgc cctggaaaag540
tgcctcaaga aagggaagg cgaggaacaa gcctggctg ctgctgtgct aggcctgctc600
tgcgtgcagc tgggccctgg acctaaagggt gaggagctgt ttcacagcct gcagcctctg660
ctggtctctg tgctcagtga cagcacagct agccctgctg cccggctcca cgtgagttgc720
ctgtgcccc aagaaacctt cctgcaact atccctcagc agagtgggtg gttcccccta780
50 tcttcagcct cc                                     792

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 131:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

55

(A) LÄNGE: 1092 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 131

20  
 gtgggtcccc cgggttcggg cgcggttgag gccttcggtg gtgaacgagt ctccagcacc 60  
 atgtctggtt tgtctggccc accagcccgg cgcggccctt ttccgtagc gttgctgctt 120  
 ttgttcctgc tcggccccag attggtcctt gccatctcct tccatctgcc cattaactct 180  
 cgcaagtgcc tccgtgagga gattcacaag gacctgctag tgactggcgc gtacgagatc 240  
 25 tccgaccagt ctggggggcg tggcggcctg cgcagcacct caagatcaca gattctgctg 300  
 gccatattct ctactccaaa gaggatgcaa ccaaggggaa atttgccttt accactgaag 360  
 attatgacat gtttgaagtg tgttttgaga gcaagggaac agggcggata cctgaccaac 420  
 tcgtgatcct agacatgaag catggagtgg aggcgaaaaa ttacgaagag attgcaaaag 480  
 ttgagaagct caaacatta gaggtagagc tgcgacgcct agaagacctt tcagaatcta 540  
 30 ttgttaatga ttttgcctac atgaagaaga gagaagagga gatgcgtgat accaacgagt 600  
 caacaaacac tcgggtccta tacttcagca tcttttcaat gttctgtctc attggactag 660  
 ctacctggca ggtcttctac ctgcgacgct tcttcaaggc caagaaattg attgagtaat 720  
 gaatgaggca tattctcctc ccaccttgta cctcagccag cagaacatcg ctgggacgtg 780  
 cctggcctaa ggcacacctc caacagcacc atcaaggcac gttggagctt tcttgccaga 840  
 35 actgatctct tttggtgtgg gaggacatgg ggtaccacct acaccaaca agtcaatgag 900  
 ggacttcttt ttaatttggg aggattttga ctggttttgc aacaataggt ctattattag 960  
 agtcacctat gacaaaaaat agggggttac ctagataatg ccaaagtcag catttgtccc1020  
 ggggtcccctt gtgggagctg tgggacgatg ttttcttttc tgcccccttt ccggagcgtg1080  
 gggggccaaa ta 1092

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 132:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 1523 Basenpaare  
 45 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 132

10

```
ctcatgtcta aagaaattcc tttttgtgtg aaaaagacta agagcatctt caacagtgcc 60
atgcaagaga tggagggtta cgtggagaac atccgcagaa gtttggggtt tttaattact 120
ctccatttag gacaccctac acaccaaca gccagtatca aatgctgctc gatcccacca 180
accccagcgc cggcactgcc aagatagaca agcaggagaa ggtcaagctc aactttgaca 240
15 tgacggcatc ccccaagatc ctgatgagca agcctgtgct gagtgggggc acaggccgcc 300
ggatttcctt gtcggatatg ccgcgctccc ccatgagcac aaactcttct gtgcacacgg 360
gctccgacgt ggagcaggat gctgagaaga aggccacgtc gagccacttc agtgcgagcg 420
aggagtccat ggacttccag ggataagagc acagcttcac cagccatcca ccaagacggg 480
acaagcaggg agtttatccg gcagccaaa gcccttctct cctcaactgt cagctcctat 540
20 cacgacgaaa acggacaaaa cctccaccac cggcagcatc ctgaatctta acctggatcg 600
aagcaaagct gagatggatt tgaaggagct gagcgagtcg gtccagcaac agtccacccc 660
tgttcctctc atctctccca agcgcagatc tcgtagcagg ttccagctga atcttgacaa 720
gaccatagag agttgcaaaag cacaattagg cataaatgaa atctcggaag atgtctatac 780
ggccgtagag cacagcgatt cggaggattc tgagaagtca gatagtagcg atagttagta 840
25 tatcagtgat gatgagcaga agtctaagaa cgagccagaa gacacagagg acaaagaagg 900
ttgtcagatg gacaaagagc catctgctgt taaaaaaaag cccaagccta caaacccagt 960
ggagattaaa gaggagctga aaagcacgtc accagccagc gagaaggcag accctggagc 1020
agtcaaggac aaggccagcc ctgagcctga gaaggacttt tccgaaaagg caaaccttc 1080
acctcacccc ataaaggata aactgaaggg aaaagatgag acggattccc caacagtcca 1140
30 ttgggcctg gactctgatt cagagagcga acttgatcata gatttaggag aagaccattc 1200
tgggcgggag ggtcgaaaaa ataagaagga acccaaagaa ccatctccca aacaggatgt 1260
tgtaggtaaa actccaccat ccacgacggt gggcagccat tctcccccg aaacaccggt 1320
gctcacccgc tcttccgccc aaacttccgc ggctggcgcc acagccacca ccagcacgtc 1380
ctccacggtc accgtcacgg ccccgccccc cgccgccaca ggaagcccag tgaaaaagca 1440
35 gaggccgctt ttaccgaagg aggactgccc cggccgtgca gcgggtccgt gtggaactca 1500
tcaagtaaaag tttcaaactg cct 1523
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 133:

40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 2241 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

55

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 133

5

10

15

20

25

30

35

40

45

```
cgccgcccaa ggcgcagaag ccgagctggg aaaagggagg cagaggaggc ggaggcagag 60
gcagaggcag agcccgtgct cgagaccaag cgacagaccg gcgggggtgg gcctcgcaaa 120
gccgggtcgg cgagctctcc cgacaccgga gccggggagg aaaagcagcg actcctcgct 180
cgcatccccg ggagccgcac tccagactgg cccggtagtc aggggctcag gagcagatcc 240
cgaggcaggc tttgtctcagc ctccgacgag ggctggccct ttggaaggcg ccttcaacag 300
ccggaccaga caggccacca tgaccgagaa ttccacgtcc gccctcgcg ccaagcccaa 360
gcggggcaag gcctccaaga agtccacaga ccaccccaag tattcagaca tgatcgtggc 420
tgccatccag gccgagaaga accgcgctgg ctccctcgcg cagtccattc agaagtatat 480
caagagccac tacaagggtg gtgagaacgc tgactcgag atcaagttgt ccatcaagcg 540
cctggtcacc accggtgtcc tcaagcagac caaaggggtg ggggcctcgg ggtccttcgg 600
gctagccaag agcgacgaac ccaagaagtc agtggccttc aagaagacca agaaggaaat 660
caagaaggta gccacgcaaa agaaggcatc caagcccaag aaggctgcct ccaaagcccc 720
aaccaagaaa cccaaagcca ccccggtcaa gaaggccaag aagaagctgg ctgccacgcc 780
caagaaagcc aaaaaacca agactgtcaa agccaagccg gtcaaggcat ccaagcccaa 840
aaaggccaaa ccagtgaaac ccaaagcaaa gtccagtggc aagagggccg gcaagaagaa 900
gtgacaatga agtcttttct tgcggacact cctcctgtc tcctattttc tgtaataaat 960
tttctccttt tttctctctt gatgtccacc accacctttt gcccccttct gttctgactt 1020
tataagagag aggatttgga ttcttcagaa attacagaat aattcatttt tccttaacca 1080
gttggtgcaag gacagcaaca accaatctaa tgatgagaat gtacttataat tttgttttgc 1140
tattaacctt cttacggggt tagggatttg cgggggggct tgtgtgtttt gttggcttgt 1200
ttgccatgaa ggtagatgtg ggtggggaga agacacaagg cagtttggtc tggctagatg 1260
agagggaacc caggaattgt gaggttagca ggaatatctt tagggtgagt gagtttctct 1320
tgagttgggc acccgttgtg agagtttcag aacctttggc cagcaggaga gaggtgtagt 1380
ggagcagcca gccggcaaaag gaaggaggtg gaaaaaaacc gccaccgggc tgacttccac 1440
ctcccagtgg tgagcagtgg gggcccaaac ccagtttctt tctcattttt gttagtttgc 1500
cctttcggcc tccctatttt cttagggaag gggagtggg tccaagtga agctggaggg 1560
gagaagccat agtttctccc agtcagctag gatgtagcca ttgggggatc tttgtggctt 1620
cagcaaatte tcttggttaa ccggagtga aacttcagg gaagggtggg gagtacagca 1680
agtgcctcag tgtgccctgt tgaaacttag gtttttccac gcaatcgatg gattgtgtcc 1740
taggaagact tttcttttcc tctggatttt tgttcctcct gtacaagagg tgtccttgct 1800
tggtttggtg gggctgcggc cacttaaaac ctcccgatct ctttttgagt cctttattat 1860
aagtagttgt agctgcggg gggggagggg gagtggcgcg gcagtggata gtaagactta 1920
ctgcagtcga tttgggattt gctaagtagt ttacagagc tagatctgtg tgcattgtgt 1980
tgtttgtgta tatatacata tctagggcta gtacttagtt tcacacccgg gagctgggag 2040
aaaaaacctg tacagttgtc tttctcttat ttttaataaa atagaaaaat cgcgcacttg 2100
cgcgctcccc cccaccccc ttttttaaac aagtgttact tgtgccggga aaattttgct 2160
gtctttgtaa ttttaaaact ttaaaataaa ttggaaaagg gagaaactga aaaaaaaaaa 2220
aaaaaaaaaa a 2241
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 134:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 631 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 134

tgacaatggc ttctttaaaa tactcagagg acaggatcac ggtggaatcg aatcagaagt 60  
ggtggctgga attccacgca ccgatcagta ctgggaaaag atctaactcg ccgtgggcct120  
gtcgtgccag tcctgggggc gagatggggg tagaaatgca tgtgatgcgt taagttcacg180  
15 taagatacaa gtttcagaca gggtcggaag gactggattg gccaaacatc agacctgtct240  
tccaaggaga ccaagtccctg gctacatccc agcctgtggt tacagtgcag acaggccatg300  
tgagccaccg ctgccagcac agagcgtcct tccccctccg tgatccatcc atctccagg360  
agcaagacag agacgcagga atggaaagcg gagttcctaa caggatgaaa gttcccccat420  
cagttcccc agtacctcca agcaagtagc tttccacatt tgtcacagaa atcagaggag480  
20 agatggtgtt gggagccctt tggagaacgc cagtctccca ggccccctgc atctatcgag540  
tttgcaatgt caaacctctc tgatcttggt tcagatgatt cttaatagga gtttattttt600  
cgggcagctg cgaatcaggg gggtaccagg g 631

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 135:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 980 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

30 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

45 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 135

50 ggggccggga gggtacttag ggccggggct ggcccaggct acggcggctg cagggctccg 60  
gcaaccgctc cggcaacgcc aaccgctccg ctgcgcgcag gctgggctgc aggctctcgg120  
ctgcagcgtc ggggtgatct aggatccggc ttccaacatg tggcagctct gggcctccct180  
ctgctgcctg ctggtgttg ccaatgcccg gagcaggccc tctttccatc cctgtcgga240  
tgagctggtc aactatgtca acaaacggaa taccacgtgg caggccgggc acaacttcta300  
caacgtggac atgagctact tgaagaggct atgtggtacc ttctgggtg ggcccaagcc360

```

acccagaga gttatgttta ccgaggacct gaagctgcct gcaagcttcg atgcacggga420
acaatggcca cagtgtccca ccatcaaaga gatcagagac cagggtcctt gtggctcctg480
ctgggccttc ggggctgtgg aagccatctc tgaccggatc tgcattccaca ccaatgcgca540
cgtcagcgtg gaggtgtcgg cggaggacct gctcacctgc tgtggcagca tgtgtgggga600
5 cggtgttaat ggtggctatc ctgctgaagc ttggaacttc tggacaagaa aaggcctggt660
ttctgtgtgc ctctatgaat cccatgtagg gtgcagaccg tactccatcc ctccctgtga720
gcaccacgtc aacggctccc ggcccccattg cacgggggag ggagataccc ccaagtgtag780
caagatctgt gagcctgggt acagcccagc ctacaaacag gacaagcact acggatacaa840
ttctacagcg tctccaatag cgagaaggac atcatggccg agatctacaa aaacggcccc900
10 gtggaggagg gttctctgtg tattcggact tctgcctaga gtcagggggg acaaaagtcc960
cggaatttg gggggccgcc                                     980

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 136:

15

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2238 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 136

```

cacatgttcg gggaccgagt ggggtcaatc ttctggtgct gcctctccag gtctcttcca 60
ggccgggtcat agacgtactc cctctgaggg cgaccgatgg ttagaagagg tgtctaagag 120
40 cgctccgggct cagcagcccc aggcctcagc tgctcctctg cagccagttc tccagcctcc 180
tccacccact gccatctccc agccagcatc acctttccaa gggaatgcat tcctcacctc 240
tcagcctgtg ccagtgggtg tggccccagc cctgcaacca gcctttgtcc ctgcccagtc 300
ctatcctgtg gccaatggaa tgccctatcc agcccctaatt gtgcctgtgg tgggcatcac 360
tccctcccag atggtggcca acgtatttgg cactgcaggg caccctcagg ctgcccattc 420
45 ccatcagtc cccagcctgg tcaggcagca gacattccct cactacgagg caagcagtgc 480
taccaccagt cccttcttta agcctcctgc tcagcacctc aacggttctg cagctttcaa 540
tggtgtagat gatggcaggt tggcctcagc agacaggcat acagagggtc ctacaggcac 600
ctgcccagtg gatccttttg aagcccagtg ggctgcatta gaaaataagt ccaagcagcg 660
tactaattccc tcccctacca accctttctc cagtgaacta cagaagacgt ttgaaattga 720
50 actttaagca atcattatgg ctatgtatct tgtccatacc agacaggagg cagggggtag 780
cgggtcaaagg agcaaaacag actttgtctc ctgattagta ctcttttcac taatcccaaa 840
gggtcccaagg aacaagtcca ggcccagagt actgtgaggg gtgattttga aagacatggg 900
aaaaagcatt cctagagaaa agctgccttg caattaggct aaagaagtca aggaaatgtt 960
gctttctgta ctccctcttc ccttaccocc ttacaaatct ctggcaacag agaggcaaag1020
55 tatctgaaca agaattctata ttccaagcac atttactgaa atgtaaaaa caacaggaag1080
caaagcaatc tccctttgtt tttcaggcca ttcacctgcc tcctgtcagt agtggcctgt1140
attagagatc aagaagagtg gtttgtgctc aggtgggga acagagaggc acgctatgct1200

```



```

gccagaattc ccaggagggc atatcagcaa ctgcccagca gagctatatt ttgggggagag1260
agtttgagctt ccattttgag taacagaata aatattatat atatcaaaag ccaaaatctt1320
tatttttatg catttagaat attttaaata gttctcagat attaagaagt tgtatgagtt1380
gtaagtaatc ttgccaaagg taaaggggct agttgtaaga aattgtacat aagattgatt1440
5 tatcattgat gcctactgaa ataaaaagag gaaaggctgg aagctgcaga caggatccct1500
agcttgtttt ctgtcagtca ttcattgtaa gtagcacatt gcaacaacaa tcatgcttat1560
gaccaataca gtcactaggt tgtagttttt tttaaataaa ggaaaagcag tattgtcctg1620
gttttaaaccc tatgatggaa ttctaattgtc attattttta tggaatcaat cgaaatatgc1680
tctatagaga atatatcttt tatataattgc tgcagtttcc ttatgttaat cctttaacac1740
10 taaggtaaca tgacataatc ataccataga agggaaacaca ggttaccata ttgggttgta1800
atatgggtct tgggtgggttt tggtttatcc tttaaatttt gttcccatga gttttgtggg1860
gatgggggatt ctggtttttat tagctttgtg tgtgtcctct tcccccaaac ccccttttgg1920
tgagaacatc cccttgacag ttgcagcctc ttgacctcgg ataacaataa gagagctcat1980
ctcattttta cttttgaacg ttggccttac aatcaaatgt aagttatata tatttgtact2040
15 gatgaaaatt tataatctgc tttaaacaaa ataaatgttc atggtagaaa aatttgccca2100
tgaagggtcg ttctttcccc tttcctttat tagtaaataa atttattttt cgttcttttg2160
gtcttactct ccattctact gctgctgtaa atccctagtt tagtgactag aaaaataccc2220
ttaagattca tattttca 2238

```

20

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 137:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 398 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

40

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 137

```

45 tgcagattgg ttggggcagc ccggggaggc tggctccgac acacgactga gtgtgcctac 60
actgggccca caggttttca gctgtggagt ttgggatctg agcttgagc ccatgtgttt120
ctggcagttc cgctcatatt ttccacttga agacatcgcc tccgttcctt ccaagctggg180
agaccagaag tacaacacag gaggtggag aggcggggtc tcacaatccg cttggctggg240
gagtcactg aggttcttgc atcctgaagc aaacctgga gagctggtgg ggacttcct300
50 gttttgcgtt cctgtgtttt ctaatgcacg cccgaggtca aagagacttt gattttggca360
gatgcccttg atgaccctga aaccaccaa gaagccaa 398

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 138:

55

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1084 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

15

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 138

20

```

ggcgggtggcg gaagtgggag cgggcctgga gtcttggcca taaagcctga ggcggcgcca 60
cggcggagtt ggcggccttg agagctcggg agagttccct ggaaccagaa cttggacctt 120
ctcgtctctg tcctccgttt agtctcctcc tcggcgggag cctcgcgacg gcccgggccc 180
gagccccag cgcaggcccg cgtttgaagg atgacctcta ggaagaaagt gttgctgaag 240
25 gttatcatcc tgggagattc tggagtcggg aagacatcac tcatgaacca gtatgtgaat 300
aagaaattca gcaatcagta caaagccaca ataggagctg actttctgac caaggaggtg 360
atggtggatg acaggctagt cacaatgcag atatgggaca cagcaggaca ggaacgggtc 420
cagtctctcg gtgtggcctt ctacagaggt gcagactgct gcgttctggt atttgatgtg 480
actgccccca acacattcaa aaccctagat agctggagag atgagtttct catccaggcc 540
30 agtccccgag atcctgaaaa ctccccattt gttgtgttg gaaacaagat tgacctcgaa 600
aacagacaag tggccacaaa gcgggcacag gcctggtgct acagcaaaaa caacattccc 660
tactttgaga ccagtgcaca ggaggccatc aacgtggagc aggcgttcca gacgattgca 720
cggaatgcac ttaagcagga aacggaggtg gagctgtaca acgaatttcc tgaacctatc 780
aaactggaca agaatgaccg ggccaaggcc tcggcagaaa gctgcagttg ctgagggggc 840
35 agtgagagtt gagcacagag tccttcacaa accaagaaca cacgtaggcc ttcaacacaa 900
ttccctcttc ctcttccaaa caaaacatac attgatctct cacatccagc tgccaaaaga 960
aaaccccatc aaacacagtt acaccccaca tattctctca cacacacaca cacacggcac 1020
acacacacac acagggttgg acgttattca gattgcggcc tttgccgtgt tgggttcgtg 1080
ggggg
  
```

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 139:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 1259 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 139

10

```

taaaatacag aagaagagtc cacacactgt ttcacgagaa ggagtgtatc atgatttcta 60
gtaatcgaag aacatgttta tgggaacagg gtgactcagc tctcctgggg aggatggatg 120
aggagttagc aggaagagag ggtaccaagt gaggggaaaag cagcaggggtg ggtctggggc 180
atggacagga agcagaggct gggaaaagct acatctttta ttcattgcttt ttcacaggag 240
15 ctgaagtggg aatcagtaga tcgagaatcc acggccgggg accagtagga cttgagggaac 300
tgcttactac taagtggctg ctgcgaggga aggaccacgt ggtctcagat ttctcagagc 360
atggaagttt aaaatatctt catgagaacc tccctatttc tcagagaaac accaactgaa 420
aagagccagg aaaacccggg aattttccaa aagggtcttc cgttaaactt gtcttatctc 480
aggagagagc ccgctcttgt ctcccagttc ctggtagggt ctgcctgttg gaaagtgtac 540
20 ctggatgctt ctgggctccg tttggcaata gcaatcttg ctgatgtgca cagtctggct 600
cccagctcac cctttttttt taaaagtaag aaaatagttg ctaccgatag ggactttgcc 660
aagtccaatt atcttctagg attgaaaggt gcattttccc cataaaaaag gcgaggaaaa 720
cccattggtg ctttctgtca cctcagtgac ttacagtccc ccttggcatt tagttggtac 780
tagagccagt catccttaac aaatcttttc acattttatt tctttcacat gtagtcatct 840
25 tcaaaaagga aagatttgga atttttagaa aggggcaact cttcttttta gcattctcat 900
cagaaagtca caaaaatcga tggaaatcatt tccactggga agattgacct tttgtattta 960
tttgtggggg aaattaataa gcattccaga tgcttgagc ttcctgcac caggagatgc 1020
tgtgttcccc gtgatgcagc tggaaaccaa gctgcagcag gagatgcaag tttcaggatg 1080
ttccccactg agctggagga atatctacag cagtgtgct tgaaattttt gtatgaattt 1140
30 ttttgtcgtc ctaccctttt cctccaaaac aaaaattaga ggattatttt aatactttgg 1200
attcttcccc cttttttgag aaataaagtt ttttatgaaa agccaaaaaa aaaaaaaaaa 1259

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 140:

35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 1938 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 140

```

ccaagatggc ggcacgatgc ctgcccggct gttgggggtgg cggtgacgac aggcagcaaa 60
agaccagctg gtcccagatt cgctgctgga gtgctggatg gagcctttct ctgccctctg 120
tgacatttcc aatttttagat aatgcctcac atctctgtcc ccccgggacc ccctggagcc 180
5 cccatgatcc ctaagaagac agcttgaacc tagatctcac ccccaggatg ttgcggaggc 240
tgctggagcg gccttgacag ctggccctgc ttgtgggctc ccagctggct gtcgatgatg 300
acctgtcact ggggggcttc cgaagtctca gtgccctatt tggccgagat cagggaccga 360
catttgacta ttctcaccct cgtgatgtct acagtaacct cagtcacctg cctggggccc 420
caggggggtcc tccagctcct caaggtctgc cctactgtcc agaacgatct cctctcttag 480
10 tgggtcctgt gtccgtgtcc tttagcccag tgccatcact ggcagagatt gtggagcgga 540
atccccgggt agaaccaggg ggccgggtacc gccctgcagg ttgtgagccc cgctcccga 600
cagccatcat tgtgcctcat cgtgcccggg agcaccacct gcgcctgctg ctctaccacc 660
tgcacccctt cttgcagcgc cagcagcttg cttatggcat ctatgtcatc caccaggctg 720
gaaatggaac atttaacagg gcaaaactgt tgaacgttgg ggtgcgagag gccctgcgtg 780
15 atgaagagtg ggactgcctg ttcttgacag atgtggacct cttgccagaa aatgaccaca 840
atctgtatgt gtgtgacccc cggggacccc gccatgttgc cgttgctatg aacaagtttg 900
gatacagcct cccgtacccc cagtacttcg gaggagtctc agcacttact cctgaccagt 960
acctgaagat gaatggcttc cccaatgaat actggggctg ggggtggtgag gatgacgaca1020
ttgctaccag ggtgcgcctg gctgggtaga agatctctcg gccccccaca tctgtaggac1080
20 actataagat ggtgaagcac cgaggagata agggcaatga ggaaaatccc cacagatttg1140
acctcctggt ccgtaccccag aattcctgga cgcaagatgg gatgaactca ctgacatacc1200
agttgtctggc tcgagagctg gggcctcttt ataccaacat cacagcagac attgggactg1260
accctcgggg tcctcgggct ccttctgggc caggttacct acctggttcc tcccagcct1320
tccgtcaaga gatgtgcaa cgccggcccc cagccaggcc tgggcctcta tctactgccal380
25 accacacagc cctccgaggt tcacactgac tcctccttc tgtctacctt aatcatgaaa1440
ccgaattcat ggggttgat tctccccacc ctcagctcct cactgttctc agagggatgt1500
gagggaaactg aactctggtg ccgtgctagg gggtaggggc ctctccctca ctgctggact1560
ggagctgggc tcctgtagac ctgaggggtc cctctctcta gggctcctg tagggcttat1620
gactgtgaat ccttgatgtc atgattttat gtgacgattc ctaggagtcc ctgcccctag1680
30 agtaggagca gggctggacc ccaagcccct ccctcttcca tggagagaag agtgatctgg1740
cttctcctcg gacctctgtg aatatttatt ctatttatgg ttcccgggaa gttgtttggt1800
gaaggaagcc cctccctggg cattttctgc ctatgctgga atagctccct cttctggtcc1860
tggctcaggg ggctgggatt ttgatataatt ttctaataaa ggactttgtc tcgcaaaaaa1920
aaaaa aaaaaaa 1938
35

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 141:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 40 (A) LÄNGE: 1874 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 50 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:
- 55 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 141

```

5  caaaaaaacc tcttaatat ctggagtcatt cttcccttc gacagcattt tcctctgctt 60
   tgaaagcccc agaaatcagt gttggccatg atgacaacta cagaaaaacc agaggcagct 120
   tctttgccaa gacctttcaa agccatttta ggctgttagg ggcagtggag gtagaatgac 180
   tccttgggta ttagagtttc aaccatgaag tctctaacia tgtattttct tcacctctgc 240
   tactcaagta gcatttactg tgtctttggt ttgtgctagg cccccgggtg tgaagcacag 300
   accccttcca ggggtttaca gtctatttga gactcctcag ttcttgccac tttttttttt 360
10  aatctccacc agtcattttt cagacctttt aactcctcaa ttccaacact gatttccctt 420
   tttgcattct ccctccttcc cttccttgta gccttttgac ttctattgga aattaggatg 480
   taaatctgct caggagacct ggaggagcag aggataatta gcattctcagg ttaagtgtga 540
   gtaatctgag aaacaatgac taattcttgc atattttgta acttccatgt gaggggtttc 600
   agcattgata tttgtgcatt ttctaacacg agatgaggtg gtatcttcac gtagaacatt 660
15  ggtattcgct tgagaaaaaa agaatagttg aacctatttc tctttcttta caagatgggt 720
   ccaggattcc tcttttctct gccataaatg attaatataa tagcttttgt gtcttacatt 780
   ggtagccagc cagccaaggc tctgtttatg cttttggggg gcataatatt ggttccattc 840
   tcacatatcc acacaacata tccgtatata tccccctctac tcttacttcc cccaaattta 900
   aagaagtatg ggaaatgaga ggcatttccc ccaccccat tctctcctca cacacagact 960
20  catattactg gtaggaactt gagaacttta tttccaagt gttcaaact ttaccaatca 1020
   tattaataca atgatgctat ttgcaattcc tgctcctagg ggaggggaga taagaaacct 1080
   tcactctcta caggtttggg tacaagtggc aacctgcttc catggccgtg tagaagcatg 1140
   gtgccctggc ttctctgagg aagctggggg tcatgacaat ggcagatgta aagttattct 1200
   tgaagtcaag ttgaggctgg gagacagccg tagtagatgt tctactttgt tctgctgttc 1260
25  tctagaaaga atatttggtt ttctgtata ggaatgagat taattccttt ccaggatttt 1320
   tataattctg ggaagcaaaa cccatgcctc cccctagcca tttttactgt tatcctattt 1380
   agatggccat gaagaggatg ctgtgaaatt cccaacaaac attgatgctg acagtcatgc 1440
   agtctgggag tggggaagtg atcttttgtt cccatcctct tcttttagca gtaaaatagc 1500
   tgagggaaaa gggaggaaa aggaagtatt gggaatacct gtggtggttg tgatccctag 1560
30  gtcttgggag ctcttggagg tgtctgtatc agtggaattc ccatccctg tgggaaatta 1620
   gtaggctcat ttactgtttt aggtctagcc tatgtggatt ttttcctaac atacctaagc 1680
   aaaccagtg tcaggatggt aattcttatt ctttcgttca gttaagtttt tcccttcatt 1740
   tgggcactga agggatatgt gaaacaatgt taacattttt ggtagtcttc aaccagggat 1800
   tgtttctgtt taacttctta taggaaagct tgagtaaaat aaatattgtc tttttgtatg 1860
35  tcaaaaaaaa aaat 1874

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 142:

```

40  (A) LÄNGE: 198 Aminosäuren
     (B) TYP: Protein
     (C) STRANG: einzel
     (D) TOPOLOGIE: linear

```

```

45  (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

```

```

     (iii) HYPOTHETISCH: ja

```

```

50  (vi) HERKUNFT:
     (A) ORGANISMUS: MENSCH

```

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 142:

```

55  RDIWTMNLQR YWGEIPISSS QTNRSSFDLL PREFRLVEVH DPPLHQPSAN KPKPPTMLDI 60
   PSEPCSLTIH TIQLIQHNRR LRNLIAATAQA QNQQTTEGVK TEESEPLPSC PGSPPLPDDL120
   LPLDCKNPNA PFQIRHSDPE SDFYRGKGEP VTELSWHSCR QLLYQSGGTN PGQRRAFDCA180
   NESVLEDPNL MLAHEYWP 198

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 143:

- 5 (A) LÄNGE: 92 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 143:

20 IVWMVRLHGS EGMSSIVGGF GLLAEGWCRG GSWTSTRNS RGSKSKELLL VWLDDIGISP60  
QYLCRFIVHM SLQVQQTFIK CQAFCVGQRL IM 92

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 144:

- 25 (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 144:

40 DPCPERSTKN RHGAQGMPS LQGFPRSRSA GAGANHRVLR SPDVQGSRKT GRSGPEPRQG60  
GTTLFTAASQ SGLGGCLDLE RPEARIASDP ESWFVD 96

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 145:

- 45 (A) LÄNGE: 52 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 145:

EGRVQQGSFV NVQQGPQEPF IEFHQLTQA IKSTHGTSTI PRVSRITLKD KP

52

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 146:

(A) LÄNGE: 47 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 146:

PSRTSHSGTL PIPRLKICFK KRGNMNKDPT TLLAQVLFTL NFLNLDN

47

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 147:

(A) LÄNGE: 66 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 147:

LSKFKKLRVN NTCASSVVGSLFIFPLFLKH IFKRGMGVNP LWLVLEGYTR YPWNGRCSMC60  
ALNCLG

66

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 148:

- (A) LÄNGE: 187 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 148:

REGEGRPEGN GDIRGGLRSG CDLSLLAPLL PPSSSESWE CYPWKIKLGL QELSVWEESM 60  
AQHSACVPFC SGSLSPPPSQ PQLSPSPSS SPEDSSDGRA GPPEPTGSSG CTGSWCSLSP120  
VHFHWGMEC PCILCCRSPH LHLRGLGSPS SPQCPQSLSQ TVGWNMRLEA ERGSEHHSPC180  
20 TWVASCP 187

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 149

25

- (A) LÄNGE: 147 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 149

REDWNRGKGE VAPCFVQPGS WQPWCWGLDP TTPAHLAEHL VPIEDCLPLL LHLQLPPLL 60  
TFHTLQDCVC SGSPGECSSC CHRASILILL LIVQLLSVCI RLSDQRVHQH QEGHVEQQGT120  
HHGQVDDNDD LDGGGLRSSY LHSHSRQ 147

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 150

- (A) LÄNGE: 142 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF



(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 150

10 FFFFWREIK QFNDGFDLH TTLROEDKIF SPCTGTTKFR DKRQPKYRGC GVQIHAQPRV 60  
SCSNRPSGSV TVDTGERRDC PDPSSAGEGT GSRVCMGTPC PSARSAQGTA NTSFQCTLKT120  
QWAQGAQLSH QSCPQGWSWG WG 142

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 151

15

(A) LÄNGE: 464 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 151

35 RQQTVLGSCS SSILPCQLLK HQGSSKTEMT KNWLIQTKRR YFSSPKQMSM THWPRTAWLT 60  
GCSVTLEFLFP SQYVDVASLG LVPQLTGGTL YKYNFQMHM DRQQFLNDLR NDIEKKIGFD120  
AIMRVRTSTG FRATDFFGGI LMNNTTDVEM AAIDCDKAVT VEFKHDDKLS EDSGALIQCA180  
VLYTTISGQR RLRIHNLGLN CSSQLADLYK SCETDALINF FAKSAFKAVL HQPLKVIREI240  
LVNQTAHMLA CYRKNCASPS AASQLILPDS MKVLPVYMNC LLKNCVLLSR PEISTDERAY300  
QRQLVMTMGV ADSQLFFYPQ LLPIHTLDVK STMLPAAVRC SESRLSEEGI FLLANGLHMF360  
LWLGVSPPPE LIQGIFNVPS FAHINTDMTL LPEVGNPYSQ QLRMIMGIIQ QKRPYSMKLT420  
40 IVKQREQPEM VFRQFLVEDK GLYGGSSYVD FLCCVHKEIC QLLN 464

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 152

(A) LÄNGE: 172 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

45

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 152

5 TMLEKIPKEE QEETSAIRVG FITYNKVLHF FNVKSNLAQP QMMGVTDVGE VFVPLLDGFL 60  
VNYQESQSVI HNLLDQIPDM FADSNENETV FAPVIQAGME ALKAADCPGK LFIFHSSLPT120  
AEAPGKLNKRD DKKLVNTDK EKILFQPQTN VYDSLAKDCV AHRLLCDTLP LS 172

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 153

10

- (A) LÄNGE: 141 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 153

25 GSTVFTEFVI VLELHGHCLV TIDGSHFYIG GVVHQDSTKE ISGSETCAGT NPHNSIKAYF 60  
LFNIISEVVQ KLLSIQVHLE IVVFVKGSSS ELRNQPQRGH VHILTRKEEE CHRAAGEPRS120  
PWPMShRLHF GAGKVSSLCL Y 141

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 154:

- (A) LÄNGE: 504 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 154:

50 LDRCGLYPVS SLLQVEGSLW RAAGVFQPPP GLAHANDWRF TARVHGGALG EHDKMVAAAT 60  
GSEILLWALQ AEGGGSEIGV FHLGVPVEAL FFVGNQLIAT SHTGRIGVWN AVTKHWQVQE120  
VQPITSYDAA GSFLLLGNN GSIYYVDVQK FPLRMKNDL LVSELYRDPD EDGVTALSVY180  
LTPKTSDSGN WIEIAYGTSS GGVVRVIVQHP ETVGSGPQLF QTFTVHRSPV TKIMLSEKHL240  
ISVCADNNHV RTWSVTRFRG MISTQPGSTP LASFKILALE SADGHGGCSA GNDIGPYGER300  
DDQOVFIQKV VPSASQLFVR LSSTGQRVCS VRSVDGSPTT AFTVLECEGS RRLGSRPRRY360

LLTGOANGSL AMWDLTTAMD GLGQAPAGGL TEQELMEQLE HCELAPPAPS APSWGCLPSP420  
SPRISLTSLSH SASSNTSLSG HRGSPSPPPQA EARRRGGSF VERCQELVRS GPDLLRRPPTP480  
APWPSSGLGT PLTPPKMKLN ETSF 504

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 155:

(A) LÄNGE: 289 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

10

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 155:

25 GQPARPGAMA AAATAAEGVP SRGPPGEVIH LNVGGKRFST SRQTLTWIPD SFFSSLLSGR 60  
ISTLKDETGA IFIDRDPTVF APILNFLRTK ELDPRGVHGS SLLHEAQFYG LTPLVRRQL120  
REELDRSSCG NVLFNGYLPP PVFPVKRRNR HSLVGPQQLG GRPAPVRRSN TMPPNLGNAG180  
LLGRMLDEKT PPSPSGQPEE PGMVRLVCGH HNWIAYAYTQ FLVCYRLKEA SGGQLVFSSP240  
RLDWPMRTTG ASQPGCMVGL WVMNTRWWQQ PPAARSCYGL CRRKAVAPR 289

## 30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 156:

(A) LÄNGE: 161 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

35

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 156:

50 VPQDQGIPRH HGSCVVQKEV SLSFILGGVR GVPRPLEGHG AGVGRRRRSG PLRTSSWQRS 60  
TKLPPPRRRA SACGGLGLPR WPDKEVLLEA EWRLVREMRG EGLGRQPHEG AEGAGGASSQ120  
CSSCSISSCS VRPPAGAWPR PSMVVRSHM AKLPLAWPVS R 161

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 157:

(A) LÄNGE: 262 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 157:

15

```
QLWGFAAGSD SRPAMGCDGG TIPKRHELVK GPKKVEKVDK DAELVAQWNY CTLSQEILRR 60
PIVACELGRL YNKDAVIEFL LDKSAEKALG KAASHIKSIK NVTELKLSDN PAWEGDKGNT120
KGDKHDDLQR ARFICPVVGL EMNGRHRFCF LRCCGCVFSE RALKEIKA EV CHTCGAAFQE180
DDVIVLNGTK EDVDVLKTRM EERRLRANWK RKQRNPRQQS LFQNMVSVKK PQGHQKLRQG240
20 SLKKPALILE RRKPTWLPKA QQ 262
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 158:

25 (A) LÄNGE: 138 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 158:

40

```
CHRAQWHQGG CGRAEDKDGG EKAESELEKK TKKPKAAESV SKPDVSEEAP GPSKVKTGKP 60
EEASLDSREK KTNLAPKSTA MNESSSGKAG KPCCGATKRS IADSESEAY KSLFTTHSSA120
KRSKEESAHW VTHTSYCF 138
```

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 159:

(A) LÄNGE: 168 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 159:

10 HVLVKQTLLP WWSLFSFPIR SQPSLLHPCL QHVHILLGAI EHDDIILLEG SPTRVANFRF 60  
YLFQGSRLRH TAAAPKEAEP VSAVHLQAHN GADETRPLEV IVLVTFVSF IPFPGRIRK120  
LQLCHILNAF NVRCCLPKSL FCRFVQEKFN DGIFVIKSAK FTGNYWSS 168

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 160:

15 (A) LÄNGE: 238 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 160:

30 HQWHITAMGS QHSAAARPSS CRRKQEDDRD GLLAEREQEE AIAQFPYVEF TGRDSITCLT 60  
CQGTGYIPTE QVNELVALIP HSDQRLRPQR TKQYVLLSIL LCLLASGLVV FFLFPHSVLV120  
DDGIIKVVKV TFNKQDSLVI LTIMATLKIR NSNFYTVAVT SLSSQIQYMN TVVNFTGKAE180  
35 MGGPFSYVYF FCTVPEILVH NIVIFMRTSV KISYIGLMTQ SSLETHHYVD CGGNSTAI 238

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 161:

40 (A) LÄNGE: 91 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 161:

SSHEDHYVVH QDLRYRAEEV HIGKRSSH LG LPGKIHHCVH VLNLAGQAGH CHRVEVGVPD60  
FQGGHDGENY KGVLLIKCDF HHFDAVIIHK D 91

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 162:

5

- (A) LÄNGE: 133 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 162:

MRKQEEHNQT RCQETKQDGQ EDILLSSLRA QSLITVWDQS HQLIYLLCWN VACPLARETG 60  
DAISPGEFHI WELSNGFLL SFSQQTVPVI FLLSPAGGGA SSSGMLRPHG RDMPLVSCPA120  
SSVGGAARTQ RAG 133

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 163:

- (A) LÄNGE: 91 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 163:

AAGAAGPHRR RHPLHPSLLR EHHSQAQAPE GVRPGQSTLS RIEAVQPQLP RPSGLPSLWG60  
WLPWLLGTRP QRHPEIPPET QCASTAVRRS A 91

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 164:

- (A) LÄNGE: 174 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 164:

LDNPTQRNKD QLIRAAVKFL DTDTCYRVE EPETLVELQR NEWDPPIEWA EKRYGVEISS 60  
STSIMGPSIP AKTREVLVSH LASYNTWALQ GIEFVAAQLK SMVLTGLID LRLTVEQAVL120  
LSRLEEYQI QKWGNIEWAH DYELQELRAR TAAGTLFIHL CSESTTVKHK LLKE 174

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 165:

(A) LÄNGE: 66 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 165:

CLGLLHPVAD GVGVQKLHGC PDQLILVSLG WVVQSRVAQC GQVHGVVLDG ILLGIPLSTL60  
CTCQGL 66

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 166:

(A) LÄNGE: 132 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 166:

SWRETEIKEQ LTEHLCTIIQ QNELRKAKKL EELMQQLDVE ADEETLELEV EVERLLHEQE 60  
VESRRPVVRL ERPFQPAES VTLEFAKENR KCQEQA VSPK VDDQCGNSSS IPFLSPNCPN120  
QEGNDISAAL AT 132

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 167:

- 10 (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 167:

25 QILMSHSPPQ AEMASLNEPL VSLILLVLRV AISRPPQAP KSLHRLHLV VASTPPTSWP60  
FGAHFAV 67

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 168:

30

- (A) LÄNGE: 74 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 168:

NGLSKRTTGL LDSTSCSCSN LSTSTSSSKV SSSASTSSCC INSSNFLAFR SSFCCMIVQR60  
CSVSCSFISV SRHE 74

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 169:

- (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel



(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 169:

15 GRGGLGCRSW RCAGSSRPYS EVFSVALLER GSSCILRIFC ISAPFSSRCH RMPQIGPVPS60  
VNQTSETASL QGQSPSTDEL ERDSEMQRP 89

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 170:

20 (A) LÄNGE: 74 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

: (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 170:

35 GPLHFRIPLK LICTWTTLTK RGGFRSLIHR GDRTYLGHPM AARREGSRNA KYSQDAGGTP60  
LKERHGENFR VRAR 74

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 171:

40 (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:

: (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 171:

AVAFQNPSQA HLYLSDPEA RRFPKSDSPR GQDLFGASDG SEKRREPKCK IFSRCRRNPS60  
QGAPRRKLQS TGAMIQHNAR TCSPAHLSP 89

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 172:

(A) LÄNGE: 100 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

10

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 172:

PSPAVLGDQP PSASGAVHRK LSLEVCCCQE RAQMGPVMAA TSTSCGRARL LARSAQWLTT 60  
MLSSAAVWLG SRRLLTCGEN PSYALVAFLC LSRESPSAKP 100

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 173:

(A) LÄNGE: 495 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

30

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 173:

SRTNTPVETW KGSKGKQSYT YIIIEENTTTS FTWAFQRTTF HEASRKYTND VAKIYSINVT 60  
NVMNGVASYC RPCALEASDV GSSCTSCPAG YYIDRDSGTC HSCPPNTILK AHQPYGVQAC120  
VPCGPGTKNN KIHSLCYNDK TFSRNTPTRT FNYNFSALAN TVTLAGGPSF TSKGLKYFHH180  
FTLSLCGNQG RKMSVCTDNV TDLRIPEGES GFSKSITAYV CQAVIIPPEV TGYKAGVSSQ240  
PVSLADRLIG VTTDMTLDGI TSPAELFHLE SLGIPDVIFF YRSNDVTQSC SSGRSTTIRV300  
RCSPQKTVPG SLLLPGTCSG GTCDGCNHFH LWESAAACPL CSVADYHAIV SSCVAGIQKT360  
TYVWREPKLC SGGISLPEQR VTICKTIDFW LKVGISAGTC TAILLTVLTC YFWKKNQKLE420  
YKYSKLVNNA TLKDCDLPAA DSCAIMEGED VEDDLIFTSK KSLFGKIKSF TSKRTPDGF480  
SVPLKTSSGG PDMDL 495

55

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 174:

- 5 (A) LÄNGE: 118 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 174:

20 GHNEEISSSG CCRMLAPKSP QACKGAMQGE EAGEAGSASH RMSGPPEDV FSGTESNPSG 60  
VLLEVNDLIF PKSDFLLVKM RSSSTSSPSM MAQLSAAGRS QSLRVAFITS LEYLYSSF 118

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 175:

- 25 (A) LÄNGE: 172 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 175:

40 RNTRGHFRAC QRKLKPCSVS TVYKFNRNAC QRGLFEKRVF SEPVLSVQEK GVLLKRKLSL 60  
LEQDVIIVNED GRNKLKKQGE TPNEVCMFSL AYGDIPPELI DVSDFECSLC MRLFFEPVTT120  
PCGHSFCKNC LERCLDHAPY CPLCKESLKE YLADRRYCVT QLLEGINSEV SA 172

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 176:

- 45 (A) LÄNGE: 248 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 176:

10 QIGGTVSHSC WKELIVKYL DELSERKKIY DEETAELSHL TKNVPIFVCT MAYPTVPCPL 60  
HVFEPYRLM IRRSIQTGTK QFGMCVSDTQ NSFADYGCML QIRNVHFLPD GRSVVDTVGG120  
KRFRVLKRG KDGICTADIE YLEDVKVENE DEIKNLRELH DLVYSQACSW FQNLDRFRS180  
QILQHFGSMP ERRENQAAP NGPAWCWLL AVLPVDPYQ LSVLSMKSLK ERLTKIQHIL240  
TYFSRDQF 248

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 177:

(A) LÄNGE: 133 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 177:

35 HSTSYLLDTL LSFLCKEDNM VHDLNNAQDN SYRTNVRKGL LLAQKTTSCR ENTRNLRHRL 60  
ILLEYHHKLR KTYRLHWEFL LVFSAYFFHL HLQSHPLKE TFFSAEHLF LELTEQVLRA120  
LFFQTVLSGR HFC 133

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 178:

(A) LÄNGE: 152 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 178:

SAVKRGWDLN MAAVVAATAL KGRGARNARV LRGILAGATA NKASHNRTRA LQSHSSPEGK 60  
EEPEPLSPLE EYIPRKRGKN PMKAVGLAWA IGFPKGILLF ILTKREVDKD RVKQMKARQN120  
MRLSNTGEYE SQRFRASSQS APSPDVGSQV QT 152

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 179:

- (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 179:

EGRSAPQVCT PDPTSGDGAL WEEALNLWLS YSPVLDNRMF CRAFTCFTRS LSTSRLVRMK 60  
RRIPQGGKMA QASPTAFMGF LPLFLGMYSS SGDRGSGSSL PSGELWLCRA RVLL 114

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 180:

- (A) LÄNGE: 126 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
30 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 180:

GLATAWASCA LWWTSEARTG IWAKPEDLTV NSLGGSQRSS GLHPRPNIRG RGTLLGGSPEP 60  
45 LALILARVGQ PHVLPSSLHL HTVLVHFPLG EDEEEDTTRE ADGPGQSHSF HGVLAPLSGN120  
VFQLRG 126

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 181:

- 50 (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 181:

LVKCPKGEFS FHSNKDRFAH SLKQNVAMNI QPLHTYKDVR MIPPTKHTHS HTRTHMHT60  
RACTHGHMHT HTHT 74

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 182:

(A) LÄNGE: 84 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 182:

35

ILISFKQRQI CAFTQAECEGH EYSAPAYIQR CTHDSPHQAH TQSHTHTHTH AHTRVHTRTH60  
AHTHAHVNTC THAHTCTHAH TDTL 84

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 183:

40

(A) LÄNGE: 70 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 183:

VCPCVHVCTC VHCMCLRV R VCVHVSVCAR ACVHVCVCAC VTVCVLGGGN HAYIFVCMQG60  
LNIHG HILLE 70

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 184:

- 10 (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 184:

25 TVKFLRRLKV RGTKAGEISL SPEEGEADGS QQPALFLRVI FKFANCITGG PTFCFYQEFF60  
FCSKTLVMGI F 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 185:

- 30 (A) LÄNGE: 55 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 185:

45 YLNLQIVLQE GLLSVFIKSF SFVQRHWLWE YFERVRNAGI KRCCRLILKV LTEPV 55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 186:

- 50 (A) LÄNGE: 37 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 186:

KQGRLLSIC FSLLRKANL PCFGSPHFQP SQEFHCS

37

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 187:

(A) LÄNGE: 37 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 187:

SPLLWFPALS AFSGISLFII YFHDLSAKLL IFCRKKV

37

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 188:

(A) LÄNGE: 100 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

40

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 188:

MPDFKIARRK QTLRIKKAGH LLNPWLHHKA LGLGFLYLIE VFSVALGAVC LSPTPKDARK 60



TSTISHVATF TSMPHKCLSE SPNSAFFQNK PNAIRQKKKK

100

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 189:

5

- (A) LÄNGE: 256 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 189:

RSQAGPEAGQ PLPGSGKRSS CCHCSSGACS MGPLPRTVEL FYDVLSPYSW LGFEILCRYQ 60  
NIWNINLQLR PSLITGIMKD SGNKPPGLLP RKGLYMANDL KLLRHHLQIP IHFPKDFLSV120  
MLEKGSLSAM RFLTAVNLEH PEMLEKASRE LWMRVWSRNE DITEPQSILA AAEKAGMSAE180  
25 QAQGLLEKIA TPKVKNQLKE TTEAACRYGA EGLPITVAHV DGQTHMLFGS DRMELLAHLL240  
GEKWMGPIPP AVNARL 256

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 190:

30

- (A) LÄNGE: 196 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 190:

SLAFTAGGIG PIHFSPSRCA SSSIRSEPNN MWVWPSTWAT VMGSPKAPYL QAASVVSLSW 60  
FFTFGVAIFS RSPWACSADI PAFSAAARML CGSVMSSFLD QTRIHSSRDA FSSISGCSKF120  
TAVRKRMAK LPFSSITDKK SLGKWMGIWR WCLRSFKSFA MYSPLRGSRP GGLFPLSFM180  
50 PVMRLGRNCR LMFQIF 196

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 191:

- (A) LÄNGE: 116 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 191:

15

EQRASAMRSS RAFRTVCSSW ATHGQLPAGL DDKTNIKTVC TYWEDFHSCT VTALDCQEG 60  
AKDMWDKLRK ESKNLNIQGS LFEICGSGNG AAGSLLPAFP VLLVSLSAAL ATWLSF 116

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 192:

- (A) LÄNGE: 182 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 192:

KRESGFPTIL YECFQHHRES QRPQRTNGSS SRFPGAWSEC GWARGGSWPH AQKESQVAKA 60  
AERDTRSTGN AGSRDPAAPL PLPQSSNKLP WMLRFLDSFL SLSHISFAPS WQSVRAVTVQ120  
40 LWKSSQYVHT VLMFVLSSRP AGSWPCVAQL EQTVRKALED RIALARCSHG LHQIRYLHRE180  
DQ 182

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 193:

- (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 193:

HLANKTQEI KRNKKNQDFP QSYMSVFSIT ENHNVPKELM DLPLDFREHG VSVGGRAGGA 60  
GPTLRRKARS LKLPRETPGA PGTPGAGTPP PRCRCRRVRI SCLGC 105

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 194:

(A) LÄNGE: 426 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 194:

EIYSLSRFIE VKMSKKISGG SVVEMQGDEN TRIIWELIKE KLIFPYVELD LHSYDLGIEN 60  
RDATNDQVTK DAAEAIKKH VGVKCATITP DEKRVEEFKL KQMWKSPNGT IRNILGGTVF120  
REAIICKNIP RLVSGWVKPI IIGRHAYGDQ YRATDFVVPD PGKVEITYTP SDGTQKVITYL180  
VHNFEEGGGV AMGMYNQDKS IEDFAHSSFQ MALSKGWPLY LSTKNTILKK YDGRFKDIFQ240  
EIYDKQYKSQ FEAQKIWEH RLIDDMVAQA MKSEGGFIWA CKNYDGDVQS DSVAGGYGSL300  
GMMTSVLVCP DGKTVEAEAA HGTVTRHYRM YQKGQETSTN PIASIFAWTR GLAHRKLDN360  
35 NKELAFFANA LEEVSITET AGFMTKDLAA CIKGLPNVQR SDYLNTFEFM DKLGENLKIK420  
LAQAKL 426

30

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 195:

40

(A) LÄNGE: 97 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 195:

RLLPKHLQRR QALYCYQALL CGLTLWSRQK WKQWDWWTSP VLSGTCGSDG LQSRGQPLLL60  
LSCHLDKPAR WSSCRESHTL GPQSPTARHH HSFYRPR 97

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 196:

- (A) LÄNGE: 93 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja  
15

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 196:

LILIIHPHGN TTTFFKVMYQ VCHLLGSVTW CVGYLYFSRP RNNKISCSVL IPISMTTYDD60  
RFYPSTHKPG DIFADNGFSE DRATQNISYG AIW 93  
25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 197:

- (A) LÄNGE: 410 Aminosäuren  
30 (B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF  
35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
40 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 197:

45 TDQPNIQSVK IHSPLRLNPN KGCECPPRRD GFGFIKCVDR DVRMFFHFSE ILDGNQLHIA 60  
DEVEFTVVVPD MLSAQRNHAI RIKKLPGTV SFHSHSDHRF LGTVEKEATF SNPKTSPNK120  
GKEKEAEDGI IAYDDCGVKL TIAFAQKDVE GSTSPQIGDK VEFISIDKQR PGQQVATCVR180  
LLGRNSNSKR LLGYVATLKD NFGFIETANH DKEIFFHYSE FSGDVDSLEL GDMVEYSLSK240  
GKGKVSARE VNKTHSVNGI TEEADPTIYS GKVIRPLRSV DPTQTEYQGM IEIVEEGDMK300  
50 GEVYPFGIVG MANKGDCLOK GESVKFQLCV LGQNAQTMAY NITPLRRATV ECVKDQFGFI360  
NYEVGDSKKL FFHVKEVQDG IELQAGDEVE FSVIPKSSGG LAGSGACRCF 410

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 198:

- (A) LÄNGE: 126 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 198:

LNAILNFFHM EKELLAISYF IVNEAKLIFH TFHCGPAQGC DVVSHSLCIL AQDTQLELDA 60  
LPFLQAIPIFV GHPNDKWD LTFHIALLHN LNHSVLVSLC WINTPQGANY FARVNGGISF120  
LSNAIH 126

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 199:

- (A) LÄNGE: 85 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 199:

KSHTSCNLLS RPLFVTNTKF NLISYLRRSR SFHILGLKSN SQFHPTVIIS NNAILSLLLF60  
40 AFIWASGFRI GKSGFFFYRA QKTVI 85

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 200:

- (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 200:

ATMRLSVCLL MVSIALCCYQ AHALVCPAVA SEITVFLFLS DAAVNLQVAK LNPPPEALAA60  
KLEVKHCTDQ ISFKKRLLI 79

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 201:

(A) LÄNGE: 50 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 201:

SVQCFTSNLA ARASGGGLSL ATWRFTAASL KNKKTIVISEA TAGQTRAWAW 50

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 202:

(A) LÄNGE: 72 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 202:

QVAVEKTLET QVEHFYMSHT HIFSLFPPRT FSNEKPFLKR YLIGAVLHFQ LGCKSFWRWI60  
KFGNLEVYRS VT 72

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 203:

- (A) LÄNGE: 53 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 203:

SFSPSLTTRA MNSSASSTST CSSYTLGTRL PVGGRGPTKV TCCTSNRLTL SLD 53

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 204:

- (A) LÄNGE: 121 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 204:

ALVVRFLTKR FIGDYERNAG NLYTRQVQIE GETLALQVQD TPGIQVHENS LSCSEQLNRC 60  
IRWADAVVIV FSITDYKSYE LISQLHQHVQ QLHLGHPAAC GSWANKSDL LHIKQVDPQL120  
G 121

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 205:

- (A) LÄNGE: 205 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 205:

10 GPLPALAAGS TFPVLACSSA MAPKGSSKQQ SEEDLLLQDF SRNLSAKSSA LFFGNAFIVS 60  
AIPWLYWRI WHMDLIQSAV LYSVMTLVST YLVAFAYKNV KFVLKHKVAQ KREDAVSKEV120  
TRKLSEADNR KMSRKEKDER ILWKKNEVAD YEATTFSIFY NNTLFLVVVI VASFFILKNF180  
NPTVNYILSI SASSGLIALL STGSK 205

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 206:

15 (A) LÄNGE: 106 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF  
(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 206:

30 VLHQDSSPSC LLAPNRPQQL HPLALCLWVA CGIWKSSRVV RVGDTRCFYS LEPLKNPAEC 60  
NSVEVYWLFF DRLLKLNELK GKLRVLGRLL KGKKCLAMCC NHKRRK 106

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 207:

35 (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF  
(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 207:

STYGQYVVHC GVEVLQYEEG SNNDHDQEQS VVIEDGKCCS FIISNFILLP QDSFIFLLPR 60  
HLSIISFRKF SSHFFGNSIL PLLCYFVLEN KFHILVCKGY QICAY 105



## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 208:

- 5 (A) LÄNGE: 549 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- 15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 208:

20 LYPNFLVNEL ILKQKQRFEE KRFKLDHSVS STNGHRWQIF QDWLGTDQDN LDLANVNLML 60  
ELLVQKKKQL EAESHAAQLQ ILMEFLKVAR RNKREQLEQI QKELSVLEED IKRVEEMSG120  
YSPVSEDSTV PQFEAPSPSH SSIIDSTEYS QPPGFSGSSQ TKKQPWYNST LASRRKRLTA180  
HFEDLEQCYF STRMSRISDD SRTASQLDEF QECLSKFTRY NSVRPLATLS YASDLYNGSS240  
IVSSIEFDRD CDYFAIAGVT KIKVYEDT VIQDAVDIHY PENEMTCNSK ISCISWSSYH300  
KNLLASSDYE GTVILWDGFT GORSKVYQEH EKRCWSVDFN LMDPKLLASG SDDAKVKLWS360  
25 TNLDNSVASI EAKANVCCVK FSPSSRYHLA FGCADHCVHY YDLRNTKQPI MVFKGHRKAV420  
SYAKFVSGEE IVSASTDSQL KLWNVGKPYC LRSFKGHINE KNFVGLASNG DYIACGSENN480  
SLYLYYKGLS KTLTLFKFDT VKSVLDKDRK EDDTNEFVSA VCWRALPDGE SNVLIAANSQ540  
GTIKVLELV 549

## 30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 209:

- (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
35 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

## 45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 209:

50 GTVLSSLTGE YKPLISSTLL ISSSKTLSSF WICSSCSLLF LLATLRNSIR ICSWAACDSA60  
SSCFFFTSN SNIRLTLAKS RLSWSVPNQS 90

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 210:

- (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 210:

15 FPSSLLFFFF FFFFCGSIN FYCFVIYFYS KEFVSLSQKL DNTTKSSNVH GVTLMVESWL60  
GIPNVPKVIK EGKEKKKIF KTNPKPMMTL GRDIT 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 211:

20 (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 211:

35 KKMVRLGLFS CLLAIYSLW IVCIPYLLSI GLCVDILFLF VQHLLPHLLV TQPLFICGEP60  
IPGGLGEHVT RPGLLSPTAS 80

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 212:

40 (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 212:

5 LKKGKWAKAI HNRCKWPRN MKRCSSSLIF KEKKEILPTR LAKIFKDSGL ADYRQTGILT60  
NDGVVNW 67

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 213:

- 10 (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 213:

25 SPEVGQALGT AGSRASRKMT SELSSLSISA SIRVSPQTDS LHMAQIQAYM VLGSWDLHKA60  
FFPVVFAEVL LRAFLSLA 78

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 214:

- 30 (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## 45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 214:

QAGKRALYKH TQTNTSGDGC VLLEQRLIKH SVCWLSVPLL ENNELGKEQL IRKCALLTVH 60  
ITTKSWQLLK EKGLCRCSN LSVNSCQQPQ RLPPQHTLIT CVCLA 105

## 50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 215:

- (A) LÄNGE: 216 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 215:

15 LSLTSRMEEA ELVKGRQLQAI TDKRKIQEEI SQKRLKIEED KLKHQHLKKK ALREKWLLDG 60  
ISSGKEQEEM KKQNOQDQHQ IQVLEQSILR LEKEIQDLEK AELQISTKEE AILKKLKSIE120  
RTTEDIIRSV KVEREERAE SIEDIYANIP DLPKSYIPSR LRKEINEEKE DDEQNRKALY180  
AMEIKVEKDL RTGESTVLSS IPLPSDDFKR SRKSL 216

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 216:

(A) LÄNGE: 112 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

25 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

: (A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 216:

40 FCFEISSCSF PLLIPSRSHF SLKAFFFKCW CFSLSSSIFR RFCEISSCIF LLSVMAWSLP 60  
FTSSASSILE VKDSQTGKQV QSYHKSRSL GERSGGDRRE AGRNPLFAPV EK 112

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 217:

(A) LÄNGE: 339 Aminosäuren

45 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 217:

SSQLRRRLVP APAAPRPRPN HGVLRGRLRG DRWQWSHWAK WAMLFASGGF QVKLYDIEQQ 60  
QIRNALENIR KEMKLEQAG SLKGSLSVEE QLSLISGCPN IQEAVEGAMH IQECVPEDLE120  
LKKKIFAQLD SIIDRVILS SSTSCLMPSK LFAGLVHVQK CIVAHPVNPP YYIPLVELVP180  
10 HPETAPTVD RTHALMKKIG QCPMRVQKEV AGFVLNRLQY AIISEAWRLV EEGIVSPSDL240  
DLVMSEGLGM RYAFIGPLET MHLNAEGMLS YCDRYSEGIK HVLQTFGPIP EFSRATAEKV300  
NQDMCMKVPD DPEHLAARRQ WRDECLMRLA KLKSQVQPQ 339

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 218:

15 (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 218:

KDPQITQKGI TKIITKIFCP HINMKTITG CQILKCNQA EKEVKISRL SAQVAGNRQP 60  
RERKCCCAAR PRAMIQSDGQ TTGLHHPTQA AHKTASLGSP WAATYVTEG 109

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 219:

(A) LÄNGE: 98 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 219:

LNIPSALRCM VSRGPMNAYR MPNPSDMTRS RSLGDTIPSS TSRQASLMIA YCRRFRTKPA60  
TSFWTRMGHC PIFFIRAWVL STVVGAWSGW GTSSTSGM 98

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 220:

- 5 (A) LÄNGE: 129 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 220:

20 TMFFTCGPNE AMVVS GF CRS PPVMVAGGRV FVLPCIQQIQ RISLNTLT LN VKSEKVYTRH 60  
GVPISVTGIA QVKLSEPFPH SPLPHHPLSQ TLRHLLATVF STLACREVPL LVSSFPGTPR120  
HLPPPPFFP 129

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 221:

- 25 (A) LÄNGE: 118 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 221:

40 DGDPMASVNL FTLDIEGQCV ERDPLDLLDA GQDKDTPSSH HDWGASAE PG DHHGLIWATS 60  
EKHGS GWSFR DAGGSPAGVS GRAGSRRDLG AGQGPLADQL SWELAPSRVP HPAAPRCC 118

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 222:

- 50 (A) LÄNGE: 119 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 222:

10 WPSGGPLTSP GQCGSQPPS SPATSDRRPP TSPCSAPGFL PVARVGVGKV WWGSHEVRGK 60  
AEREGRALSE MLLPFQKKKG GGGKCLGVPG KDETSRGTSL QARVEKTVAR RCLNVWERG 119

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 223:

15 (A) LÄNGE: 93 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 223:

30 GRRTLFLATF GGYPGSLGCS LSGEANISLV SFFHPLNCKL RITQAHHSYR LGLASQSTLC60  
PACHCKELL LCQPKQRKYG FSCIIFPGW FVF 93

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 224:

35

(A) LÄNGE: 94 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 224:

NLIYPNSSMY SDTFSEKARI IGAVLSIKGK SSDHLHYNFL CLFSAGEEIH IYSTPHWTLQ60  
NACIFCPSAI CSLPFCLLKE LSNIVFPKMF STGH 94

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 225:

- 5 (A) LÄNGE: 92 Aminosäur n  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 225:

20 GHMHILDRF CTAQLEWVPV TWTGVQYTIC VQYRKPSAV ARELYSNSLS AQANQVRKTA60  
IWLEDFQETA VPVRGRYYLR GGRGTDIKQE GF 92

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 226:

- 25 (A) LÄNGE: 458 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## 40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 226:

RGKRRRRLP ALPPRLSPS AATMSASAVF ILDVKGKPLI SRNYKGDVAM SKIEHFMPLL 60  
VHGEEGALA PLLSHGQVHF LWIKHSNLYL VATTSKNANA SLVYSFLYKT IEVFCEYFKE120  
LEEESIRDNF VIVYELLDL MDGFPQTTD SKILQEYITQ QSNKLETGKS RVPPTVTNAV180  
45 SWRSEGIKYK KNEVFIDVIE SVNLLVNANG SVLLSEIVGT IKLKVFLSGM PELRLGLNDR240  
VLFELTGRSK NKSVELEDVK FHQCVRLSRF DNDRTISFIP PDGDFELMSY RLSTQVKPLI300  
WIESVIEKFS HSRVEIMVKA KGQFKKQSV NGVEISVPVP SDADSPRFKT SVGSAKYVPE360  
RNVVIWSIKS FPGGKEYLMR AHFGLPSVEK EEVEGRPPIG VKFEIPYFTV SGIQVRYMKI420  
50 IEKSGYQGPA LGFRYIHPEW AITNFRYQLG RGEEMGGF 458

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 227:

(A) LÄNGE: 120 Aminosäuren



- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 227:

15

LVTKVGNRPL WVNVAKPQGR ALVTTFLNDL HVSDLDPRDG EVGDLKLDPD GGPALHLFLF 60  
HTGEAKVGSH QVLLAPRERL NTPNHDVSLR HILGAAHTGL ESGGVGIAGY RHRYLHTVGH120

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 228:

20

- (A) LÄNGE: 246 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 228:

GISNLTPMGG RPSTSSFSTL GRPKWARIKY SLPPGKDLIL QITTFLSGTY LALPTLVNL 60  
GESASLGTGT DISTPLATDC FLNCPLALTM ISTRLENWFS MTDSIQISGL TWVLRRYDMS120  
SKSPSGGMKE MVRSLSKRES RTHWWNFTSS SSTDLFLLRP VSSKSTRSLR PSRSSGIPDR180  
40 NTLSLMVPTI SLRRTLPLAL TSRLTDSMTS MKTSFFLYLI PSERQDTALV TVGGTRDLPV240  
SSLLLC 246

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 229:

45 (A) LÄNGE: 275 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 229:

10 MNTRLQVEHP VTEMITGTDL VEWQLRIAAG EKIPLSQEEI TLQGHAFEAR IYAEDPSNNF 60  
MPVAGPLVHL STPRADPSTR IETGVRQGDE VSVHYDPMIA KWVWVAADRQ AALTKLRYSL120  
RQYNIVGLPT NIDFLLNLSG HPEFEAGNVH TDFIPQHHKQ LLSRKAAAK ESLCQAALGL180  
ILKEKAMTDT FTLQAHDQFS PFSSSSGRRL NISYTRNMTL KDGKNNVAIA VTYNHDGSYS240  
MQIEDKTFQV LGNLYSEGDC TYLKCSVNGV ASKAK 275

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 230:

15

(A) LÄNGE: 117 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 230:

SEVIILENTI YLFSKEGSIE IDIPVPKYLS SVSSQETQGG PLAPMTGTIE KVFVKAGDKV 60  
KAGDSLMMVI AMKMEHTIKS PKDGTVKKVF YREGAQANRH TPLVEFEEEE SDKRESE 117

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 231:

(A) LÄNGE: 103 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 231:

SLRFTSNSIN RTFQVSAVSL AVKITKDLES FIFNLHAIRP IMVIRYSYG IVFTIFKSHV 60  
SGIRDIQSSS TARRKWRELI MCLKSESVGH GFLEDETQG CLA 103

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 232:

- 5 (A) LÄNGE: 234 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 232:

20 ADKMFLLPLP AAGRVVVRRL AVRRFGSRSL STADMTKGLV LGIYSKEKED DVPQFTSAGE 60  
NFDKLLAGKL RETLNISGPP LKAGKTRTFY GLHQDFPSVV LVGLGKKAAG IDEQENWHEG120  
KENIRAAVAA GCRQIQDLEL SSVEVDPCGD AQAAAEGAVL GLYEYDDLKQ KKKMAVSAKL180  
YGGSDQEAQWQ KGVLFASGQE LGHANLMGDA SQLRLTPTRF CRNYLRRFSK LVVS 234

## 25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 233:

- (A) LÄNGE: 108 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## 40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 233:

LPILKIFSNN FGKIWLASIS IGWRLPSNWR AQVLAQKQTG LLSARPPDPH FHRALPTQPS 60  
SFFALGHRIH RDQAPLPPQQ PERLHRDPPP QTRAPGLESA CTPLQQQL 108

## 45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 234:

- (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
50 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 234:

10

CFLCLHASFP VRRFQLPFCR GOLAPRWGSP DADHKRFESS LPSEVVQICS KLSAFQLTI60  
YQNSLLHL 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 235:

15

(A) LÄNGE: 187 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 235:

35

QVRRAALLSS AMEDSEALGF EHMGLDPRLL QAVTDLGWSR PTLIQEKAIP LALEGKDLLA 60  
RARTGSGKTA AYAIPMLQLL LHRKATGPVV EQAVRGLVLV PTKELARQAQ SMIQQLATYC120  
ARDVRVANVS AAEDSVSQRA VLMEKPDVVV GTPSRILSHL QQDSLKLKRD LELLVVDEAD180  
LLFSLWL 187

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 236:

40 (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 236:

DIGHSDIPST VGSQLLNHGL CLPCQLLGRN KNKASHCLFY HRTCRLPMEQ QLQHRNSISG60  
RLPGARAGPS QEVLPF 76

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 237:

- 10 (A) LÄNGE: 112 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 237:

25 TGLCNISSLS ACTSSLKVAD MRKALLKSGG KVTRGRLEL FFKAKGKKEG QLRPPPKAPG 60  
SHEVSGCLAA SGLICEMGSL LPHLASPSAQ LSERLSLQQL RHWPLGHPEH SR 112

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 238:

- 30 (A) LÄNGE: 108 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 238:

45 CHARLNTDSS RLAMKLLMVL MLAALLLHCY AD SGCKLLED MVEKTINSDI SIPEYKELLQ 60  
EFIDSDAAAE AMGKFKQCFL NQSHRTLKNF GLMMHTVYDS IWCNMKSN 108

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 239:

- 50 (A) LÄNGE: 82 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 239:

LVEETLLEFP HSLCSGITVY ELLKKLFVFR YRYVGIDGLF NHVLQEFAR ICIAVQEEGR60  
QHEDHQQLHG EAAAVCVQSC VA 82

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 240:

(A) LÄNGE: 48 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 240:

LLFILHQMLS YTVCIISPKF FRVLCDWLRK HCLNFPIASA AASLSMNS

48

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 241:

(A) LÄNGE: 56 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 241:

QAVGEKLSSR DSDLMEDRCF PHFSFSPKKV LLLSPFKQPV SLNFCGHGTD KDPVFS

56

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 242:

- 5 (A) LÄNGE: 52 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 242:

20 IFVAMGQTRT PSSAELRKSP ATSLAIKLP SHPTRASEEW PLLAGNPLQW AS 52

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 243:

- 25 (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 243:

40 WPKMSQDFSL VQLKTGSLSV PWPQKFRLTG CLKGDRSRTF LGEKEKWGKQ RSSIRSESL60  
ESFSPTA 67

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 244:

- 45 (A) LÄNGE: 64 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 244:

GSSWAEDFKC DISVPKTSLL FAQSCRSMYF LLQYVPIYKF ISHTYNRAHV CTCRTHTHS60  
LSTR 64

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 245:

(A) LÄNGE: 74 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 245:

SGPLLPAKNR EVAGLKTLV TFQFLKHHCY LLKVVGLCIS FSNTSPFISL FPIHTTVHMC60  
ARAHATHTH SQLV 74

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 246:

(A) LÄNGE: 69 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 246:

ARIQTPEQHS QVTLFDYNEE MKMGGYLKIG IPSALKVSKL LTCEQHRTP L WSSFQLRML60  
QFSKSIYYS 69

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 247:



(A) LÄNGE: 236 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 247:

QLRGGVQRHD RREGEMVCVE LVASDKTNTF QGVIFQGSIR YEALKKVYDN RVSVAARMAQ 60  
KMSFGFYKYS NMEFVRMKGP QGKGHAEMAV SRVSTGDTAP CGTEEDSSPA SPMHERVTSF120  
SRPPTPERNN RPAFFSPSLK RKVPRNRIAE MKKSHSANDS EEFFREDDGG ADLHNATNLR180  
SRSLSGTGRS LVGSWLKLNK ADGNFLLYAH LTYVTLPLHR ILTDILEVRQ KPILMT 236

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 248:

(A) LÄNGE: 161 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 248:

DEEVALGQRQ RGVLPGGRRW SRSAQCNQPA VSVPVGHRTV PGRVLAEAEQ SRWKLPSLCT 60  
LNLRHVAAAS DFNHRPGSSA EAHPPDLAAC GACAEPRPGP ALGVLPSAYL STATGVCDGT120  
PVLEPQPGEA TRLPGGPPTA RTPAQTEVPL TGPAGAASAL C 161

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 249:

(A) LÄNGE: 218 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 249:

10

VCIEKEVSIC SVQLQPGPDQ GPSCARQGPR PQVGCIVQIG STVVLPEELL AVVGRVRLH 60  
LSDPVPGHLP LEGWGEEGRP VVPFWGGGSA EGGHPLVHGR SWAGVLFSP T GGCVTCRHS A120  
DRHLGVALAL GALHAHKLHV AVLVEAKRHL LCHAGGHAHP VVIHLRLV ADGALKDDPL180  
15 ERVGFVTSHQ LHTDLSFPT VMSLNTSSKL SIMKKMLG 218

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 250:

(A) LÄNGE: 133 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 250:

35

YPQDPPGGAS RRLDDLELC PGEKTAPVWA LSAEEEEAMH FSLAFFLHGS SVFLQITCCH 60  
EFLCMRHISS CLYAEVPFIL SIGWWTGERG PRCPTSCASA VGGDRAPRHG GGGHLPHVWG120  
GRRHPGTEGS LQR 133

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 251:

40

(A) LÄNGE: 71 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 251:

5 RLPSVPGCLR PPQTCGRCPP PPCLGARSPP TALAHDVHGL GPLSPVHQPI ERMKGTSAYR60  
HDEICLMHKN S 71

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 252:

10 (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 252:

25 RGLQHTDMMK YASCIKHDN MLFAKKQTNH AGKMPGKSAW QLPPQHSGPT QERFSPQDTA60  
PSRPEASVMP LLAGPEGIRA PLLLTVDAAT HSMQH 95

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 253:

30 (A) LÄNGE: 194 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 253:

45 QKKKMSFRKV NIIILVLAVA LFLVLHNNF LSLSSLLRNE VTD SGIVGPQ PIDFVPNALR 60  
HAVDGRQEEI PVVIAASEDR LGGAIAAINS IQHNTRSNVI FYIVTLNNTA DHLRSWLNSD120  
SLKSIRYKIV NFDPKLLEGK VKEDPDQGES MKPLTFARFY LPILGSQRQR KARLHGVDDV180  
50 ICGRWDFLPF TLQQ 194

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 254:

- (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 254:

RFHGFPLVRI LLYFSFQKFR VKIDNFVSDA FQGITVEPGP EMVCCIVESN NVENHIGASV 60  
VLNAVYSCNG PPKPVFRCSD DHRNLLSPI YCMSESIWDK VYRLRPYNS 109

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 255:

- (A) LÄNGE: 57 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 255:

NLAKVKGEMD SPWSGSSFTF PSKSLGSKLT ILYLMLFRES LLSQDRRSA VLLRVTM 57

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 256:

- (A) LÄNGE: 230 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 256:

5

LPAATNRLKR GKGSSTGSSS GNHGGSGGNG GHKPGCEKPG NEARGSGKSG IQGFRGQGV 60  
SNMREISKEG NRLLGGSGDN YRGQSSWGS GGGDAVGGVN TVNSETSPGM FNFDTFWKNF120  
KSKLGFINWD AINKNQVPPP STRALLYFSR LWEDFKQNTF FLNWKAIIEG ADASSLQKRA180  
GRAESELQLQ PACVSHCLWW EVLSQDPCKG GSHLLPRLP GCNLGLLAVG 230

10

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 257:

(A) LÄNGE: 141 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 257:

TRTRSPPAP EPSSTSADSG RISNRTLLSS TGKQLLRVRT RHHCRNVQAE PSQNYNYNQH 60  
AYPTAYGGKY SVKTPAKGGS LTFFLGFGA TWACLQLGEV LVRQFLATNH RRPRKKHWVR120  
QGKLLPPLGP PALWQAPGPG L 141

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 258:

35

(A) LÄNGE: 165 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 258:

50

RVRTLNNCFP VEERSVLFEI LPESAEEVEEG SGAGGRDLVL VYGIPVDETQ LGFKILPESV 60  
KVKHPRRRLR VHSIDSTNSV TSSTAPARPL PPIIVSRASK EAIALFAYFP HVAGNSLSSE120  
ALNPRFPAPA GFIPWLFTPG FMSISSAAPT VVAGGGAGAG SLPPL 165

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 259:

- 5 (A) LÄNGE: 126 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 259:

20 ERSHLQPGAV GITESPILGL GSAMTTEIGW WKLTFLRKKK STPKVLYEIP DTYAQTEGDA 60  
EPPRPDAGGP NSDFNTRLEK IVDKSTKGKH VKVSNSGRFK EKKKVRATLA ENPNLFDDHE120  
EGRSSK 126

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 260:

- 25 (A) LÄNGE: 121 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 260:

40 YVLNTIIVGK GEEKIPHPPLP RFGPCSFPLR VCDLPSAKVM AKTGTNRPNY HQSSLLQHPN 60  
RVPGSSVPSA PEGKVPGSLL PVLGGELKFS VSASGSTETS PYHVASGKCA LLRIGPGSSH120  
R 121

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 261:

- 50 (A) LÄNGE: 86 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 261:

TRVPLYVVRG RVEDPGISQA LQKWRHINTN LKNSHFLPAG INWPHSFSYG QRGQRGKVL60  
QIWL MAGSQE VLAPSSALHF DDRPSS 86

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 262:

(A) LÄNGE: 73 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 262:

GGSGPAPRKL HDFALCSAPL CPLFPRETSR SHIFLTDFA VCLHSDWEHW DHFHHADSGG60  
NGCIPFHDPT CVY 73

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 263:

(A) LÄNGE: 106 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 263:

FVAMCSKQAS LNHGLLGLTL VFLGPLNRHR SGHGKGYIHY HHCRRHDENDP SVPNQANRQ 60  
LQNQSRKCGI WKSLLERGGR GELSRGRNRA VYAE LGTPSL RARGGR 106

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 264:

- (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja  
15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
20 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 264:

VLRWYSSDPS IDTGRVMERD TSITTTVGMM KMIPVFPIRM QTDSEFKISQE NVGSGSLSWK60  
EGAEGS 66  
25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 265:

- (A) LÄNGE: 108 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
30 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja  
35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
40 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 265:

GCACFRPPSP AGGARTSAGR SPSSADVGSR TQSRSRRAA HSRCCVAFPS SFTPRSRRRP 60  
45 KRRRRRRREND PAASSLPPAH LPCSVSQSAA GARLVLRPRA CGAQAQRP 108

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 266:

- (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren  
50 (B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear



(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 266:

GAPAFALLLQ REGRGLPRGG VRLVLTAAE PKVDRGGGLH IPVVALRFLP LSLRAHGGGQ 60  
SGGDGGARTT RRPVLFLLRT CPARSVSRRP APGLCSDLAL AAPRPSGRS 109

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 267:

(A) LÄNGE: 157 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 267:

IEAAGCTFPL LRCVSFLFHS ALTAAAKAAA TAARERPGGQ FSSSCAPALL GQSVGGRRPA 60  
CAQTSRLRRP GPAAVASVWP ENLGAPAAARA PRAEPRSGSR GGRRVSESEG WPGQVVAPRR120  
35 WSPSKGSVWP TRSTARTSPS AATSPRPREM PPKRRRL 157

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 268:

40 (A) LÄNGE: 156 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 268:

SSAQGEETPGP GRRLRAPTE SRSEGKSMFA GVPTMRESSP KQYMLGGRV LLVLMFMTLL 60  
HFDASFFSIV QNIVGTALMI LVAIGFKTKL AALTLLVWLF AINVYFNAFW TIPVYKPMHD120  
5 FLKYDFFQTM SVIGGLLLVV ALGPGGVSM D EKKKEW 156

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 269:

- 10 (A) LÄNGE: 112 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 269:

25 LGACSWWWPW ALGVSPWMRR RRSNGSHRSL PAWLRPVAVK DWFGVDSTKL PAFMYPLPFP 60  
SLGKGTDLVR TLFAETPENR WLSLLWSHSL ASDPSVQASL AAGSLPHAEA LE 112

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 270:

- 30 (A) LÄNGE: 130 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 270:

45 SQRVCKYSPG SLLPYPRILV RSSNGFRTWV LFSCDHSSAH CMKTGLSQCF NLTRAVSWST 60  
PRSLVPYDS PHQMTLAKSR FLCGQGWLAD WWKVGWTKGG HVSSQHQFCT SSASVLVGVP120  
VSPGPGWARA 130

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 271:

- (A) LÄNGE: 267 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 271:

15 GTSGTSHLHP RSICMIQKYN HDGEAGRLEA FSQGESVLKE PKYQEELEDR LHFYVEECDY 60  
LQGFQILCDL HDGFSGVGAK AAELLQDEYS GRGIITWGLL PGPYHRGEAQ RNIYRLLNTA120  
FGLVHLTAHS SLVCPLSLGG SLGLRPEPPV SFPYLHYDAT LPFHCSAILA TALDVTVPY180  
RLCSSPVSMV HLADMLSFCG KKVVTAGAII PFPLAPGQSL PDSLMQFGGA TPWTPLCACG240  
EPSGTRCFAQ SVVLRGYRQS MPHKPQT 267

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 272:

(A) LÄNGE: 118 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

25 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 272:

40 QVARVAGPGS HPRTRGRQES CEQSGARDQK LCLIDDRCS GPPHDGRDQV AGPRLLFPAL 60  
NIHLVAALPP SRLPQRSHRA GHTGSGSPAS SHIPPRRNAA CPPALPGTWV PLGHFPLG 118

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 273:

(A) LÄNGE: 133 Aminosäuren

45 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 273:

LGKATCSRRL PTCTQWGPWG GSSKLHQGIR KGLAWSQGER DDCSCCHLF PTEAQHVSQM 60  
NHGNWRGTQA IRNSDCVQGC SQDGTAVEGQ SGIIMQVREA DRWLGSQAQA PTQGQGADKR120  
AVSSQVHETK SCV 133

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 274:

15 (A) LÄNGE: 124 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 274:

30 PQAWRRLCRC CSARPVAPGA RRLVPCRTPT RQPAGGTCHH PAAFRGRSRH IPVPHALGFG 60  
ASAGRSVPLQ ALSQSPGAAD LQVFSTGAAP VIHTRLLEDP ILGATLPAGP IRCRAVGLVP120  
RHCH 124

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 275:

(A) LÄNGE: 426 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 275:

GSSRRHGGGY AAVALLVLLL LGPGGWCLAE PPRDSLREEL VITPLPSGDV AATFQFRTRW 60  
DSELQREGVS HYRLFPKALG QLISKYSLRE LHLSFTQGFW RTRYWGPPFL QAPSGAELWV120  
WFQDTVTDVD KSWKELSNVL SGIFCASLNF IDSTNTVTPT ASFKPLGLAN DTDHYFLRYA180

VLPREVVCTE NLTPWKKLLP CSSKAGLSVL LKADRLFHTS YHSQAVHIRP VCRNARCTSI240  
SWELRQTLVS VFDAFITGQG KKDWSLFRMF SRTLTEPCPL ASESrvYVDI TTYNQDNETL300  
EVHPPPTTTY QDVILGTRKT YAIYDLLDTA MINNSRNLNI QLKWKRPEN EAPPVPFLHA360  
QRYVSGYGLQ KGELSTLLYN THPYRAFPVL LLDTPWYLR LLHPLPACPG PAATPPPGDA420  
5 DSAAGQ 426

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 276:

10 (A) LÄNGE: 128 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 276:

25 SPSILYGSCT CHSHKAFGGP DTGGHPSCR P HQVQSCGSGS KTLSLMWINL GRSSVMSSQG 60  
SSAPLSTST PPTQSLPLPP SNPWWPMTL TTTFCAMLCC RGRWSAPKTS PPGRSSCPVV120  
PRQASLCC 128

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 277:

30 (A) LÄNGE: 481 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 277:

AQDTGGPGRQ SGHGGDLQIP ISLFLRRLNT QHWRPGSRKV MAVVPASLSG QDVGSFAYLT 60  
IKDRIPQILT KVIDTLHRHK SEFFEKHGEE GVEAEKKAIS LLSKLRNELQ TDKPFIPLVE120  
KFVDTDIWNQ YLEYQQSLN ESDGKSRWFY SPWLLVECYM YRRIHEAIIQ SPPIDYFDVF180  
50 KESKEQNFYQ SQESIILCT HLQQLIRTIE DLDENQLKDE FFKLLQISLW GNKCDLSLSG240  
GESSSQNTNV LNSLEDLKP ILNDMEHLW SLLSNCKKTR EKASATRVYI VLDNSGFELV300  
TDLILADFL SSELATEVHF YGKTIPWFVS DTTIHDFNWL IEQVKHSNHK WMSKCGADWE360  
EYIKMGKWVY HNHIFWTLPH EYCAMPQVAP DLYAELQKAH LILFKGDLNY RKLTDGRKWE420  
FSVPFHQALN GFHPAPLCTI RTLKAEIQVG LQPGQGEQLL ASEPSWWTTG KYGIFQYDGP480  
55 L 481

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 278:

- 5 (A) LÄNGE: 128 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 278:

20 FHSVSTNFS TKINGLSVC NSFRNLERRE IAFFSASTPS SPCFSKNSLL CRCNVSITLV 60  
KICGILSLIV RYANDPTSCP ERDAGTTAIT FRDPGRQCWV FNRRRNREIG ICKSPPCPDC120  
RPGPPVSC 128

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 279:

- 25 (A) LÄNGE: 83 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 279:

ELLNQVKGDH RTEIFHIFQW STSWAQRPGA VPLAQADQP EFQLLMFLWY RVVQDGSHE60  
PDEMEQKTPI FCHLSTSCNS NHP 83

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 280:

- 50 (A) LÄNGE: 168 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 280:

10

FYDRRDCFVA VSFLRGLSLW LHFYLWWLCY GGAEMRQKRK GDLSPAELMM LTIGDVIKQL 60  
IEAHEQGKDI DLNKVTKTA AKYGLSAQPR LVDIIAAVPP QYRKVLMPLK KAKPIRTASG120  
IAVVAVMCKP HRCPHISFTG NICVYCPGGP DSDFEYSTQS YTGYEQPP 168

- 15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 281:

- (A) LÄNGE: 70 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 281:

GGTAAMISTR RGWAERPyla AVLvFTLFRS MSFPcSWASI SCLITSPiVS IISSAGLRSP60  
FRFCLISAPP 70

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 282:

- (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
40 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 282:

IDVFPLLVG F NQLFNNISYS QHHQLSRAEI SFPLLPHFCA AVAEPPEIKM QPQTQTTEKA60  
DSHKTIPPVV K 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 283:

5

- (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 283:

KPRQLPNMAF LPSPAWWISL LAVPPQYRKV LMPKLKAKPI RTASGIAVVA VMCKPHRCPH 60  
ISFTGNICVY CPGWDLILIL SIPPSLTIGY EPTSMRSYSV PDMDPFYRT RTPD 114

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 284:

- (A) LÄNGE: 127 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 284:

WVSPLTWASR PCDTEEGRQA MISTRGWAE RPYLAÄVLVF TLFRSMSFPC SWASISCLIT 60  
SPIVSISSA GLRSPDYGGF TTRPGSNILG SRVGHYTHQT MEDSPPDQEA TAWAPELATP120  
PCTDEDR 127

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 285:

- (A) LÄNGE: 92 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50



(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 285:

PHTTNPTCFK LFLIRCPCPV RKRVIWHGI APHGGWLIAQ CKTGWNTQNG NQVPPRAYT60  
YISCKTDVWT SVGFAHSHD SNPTSSSDGF RL 92

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 286:

(A) LÄNGE: 76 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 286:

DLSRPGGTRF VLTIQQTFFS KVFVQDNFKN NIKINNGFDF SLKIEKKGVG GGVNHWPFFF60  
WRGPIGIVRP WSGGLS 76

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 287:

(A) LÄNGE: 97 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 287:

RTFVLFYHRL TLQLLINTSF GDVWCKTHKH TQKSTSPLHD PSLLSGTISA ASCTLLGPPP60  
IHRGFRGTQI TAGFQFFFN TFLWSVPTAL SVLLKLE 97

## 5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 288:

- (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja  
15

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 288:

ILHLEMYGVK HTNTHKKAQA RCMTRLSFLG LFLLRPAPSW AHLRFTEVSG GPKSLLVFNF60  
FLTIHFCGQF QQHCPYF 77  
25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 289:

- (A) LÄNGE: 28 Aminosäuren  
30 (B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF  
35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
40 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 289:

45 ILIDGVRAAF IPYREYNGAR LSRDFISA 28

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 290:

- (A) LÄNGE: 28 Aminosäuren  
50 (B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 290:

HQFHNYFNLL GFHLLIILKF HQQWGTEK

28

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 291:

15

(A) LÄNGE: 29 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 291:

APGPQAILII NLNRWGKSCL HPIQRIQWC

29

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 292:

35

(A) LÄNGE: 30 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 292:

AEIKSLLSLA PLYSLYGMKA ALTPSIKIYY

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 293:

- 5 (A) LÄNGE: 33 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 293:

20 AMKVL SFLLC IRISFLFVVE SIVRGISKLN EVN 33

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 294:

- 25 (A) LÄNGE: 38 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 294:

40 AINKVSSGYG PLALLGFSVS VEAAQRISLN FSQKWLLT 38

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 295:

- 45 (A) LÄNGE: 40 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 295:

FTSFNLLIPR TILSTTNRNE ILIHKRKLKT FIAYVGLSNK

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 296:

10

(A) LÄNGE: 71 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 296:

VNLLKYGQIH LAVKQLNIHC YLIKVFVSVL PGPNIKTTSV QKINVQRAVC SLFWYVHFKK60  
TPLSSLANQE Y 71

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 297:

(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 297:

RFYLYFILSR GTNSRHTFAR PSCRKTQSRK GKNKIAIKYM VLGAGRTRNP QGDQFLARSF60  
FRVYPVE 67

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 298:

(A) LÄNGE: 56 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 298:

15 KNLEFFSPST SYLLQNSSE GFIIYILSYPE GPTAGIPLPG LLAERHRAVK AKIKLQ 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 299:

20 (A) LÄNGE: 140 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 299:

35 TPNSRGAGRV VRGSARGVGR SCASWLPVGR RCRTSETGSG ASRRSRAIGS PPPSPCPWSA 60  
NSASSARPTS SSGPKPSFIA FRFGGQSLPP FISLWVQELD FFIWSIYISY ISILRDLKQE120  
LLMGGQQTII SCSSLTGFAS 140

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 300:

- (A) LÄNGE: 279 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- 45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 300:

5 QSRSRPRREG VGTGSRAVLC ILATCGSKMS DIGDWFRSIP AITRYWFAAT VAVPLVGKLG 60  
LISPAYLFLW PEAFLYRFQI WRPITATFYF PVGPGTGFLY LVNLYFLYQY STRLETGAFD120  
GRPADYLEFML LFNWICIVIT GLAMDMQLLM IPLIMSVLYV WAQLNRDMIV SFWFGTRFKA180  
CYLPWVILGF NYIIGGSVIN ELIGNLVGHL YFFLMFRYPM DLGGRNFLST PQFLYRWLPS240  
10 RRGVSGFGV PPASMRRAD QNGGGGRHNW GQGFR LGDQ 279

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 301:

(A) LÄNGE: 106 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
15 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 301:

30 IDQIKKSSSW THREIKGGSD WPPNLKAIKE GFGPEEEVGR ADEAEFADQG HGDGGGEPIA 60  
RDRRDAPEPV SDVRHLRPTG SQDAQDRPTP RADPLTTRPA PRL LGV 106

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 302:

(A) LÄNGE: 207 Aminosäuren  
35 (B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 302:

50 LEPLPNRLE LKKGYLTLSG SGDKVAVEWD KDHGVLESHL AEKGRGMELS DLIVFNGKLY 60  
SVDDRTGVVY QIEGSKAVPW VILSDGDGTG EKGFKAEWLA VKDERLYVGG LGKEWTTTTG120  
DVVNENPEWV KVVGYKGSVD HENWVSNYNA LRAAAGIQPP GNLIHESACW SDTLQRWFFL180  
PRRASQERYS EEGRR AQGRQ PAAERLP 207

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 303:

- 5 (A) LÄNGE: 153 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 303:

20 RWWATRAAWT TRTGCPTTTP CGLLPASSRQ VTSSMSLPAG VTRCSAGSSC RAAPARSATA 60  
RKDDERKGAN LLLSASPDFG DIAVSHVGAV VPTHGFSSFK FIPNTDDQII VALKSEEDSG120  
RVASYIMAFT LDGRFLLPET KIGSVKYEGI EFI 153

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 304:

- 25 (A) LÄNGE: 174 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:

: (A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 304:

VGTTAPTWLT AMSPKSGEAL SSRLAPLRSS SFLAVALLAG AARQEEPALQ RVTPAGRLMD 60  
EVTWRLDAGS SPQGVVVGHP VLVVHAALVA HHLHPLRVLV HHITRSGRPL LAQAAHVQTL120  
45 VLHCQPFGLE AFLHGAVAVG QNHFGHGFAA FDLVDDPRPV IHGVEFPIEN NQVG 174

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 305:

- 50 (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF



(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 305:

KLVCLEADSK SSFSSEHLFS YHLISILKHH GCSCSKMGDV KENYLETFIS SPKWSFILCL60  
S 61

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 306:

(A) LÄNGE: 144 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 306:

NTMAVAAVKW VMSKRTILKH LFPVQNGALY CVCHKSTYSP LPDDYNCNVE LALTS DGRTI 60  
VCYHPSVDIP YEHTKPIPRP DPVHNNEETH DQVLKTRLEE KVEHLEEGPM IEQLSKMFFT120  
35 TKHRWYPHGR YHRCRKNLNP PKDR 144

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 307:

40 (A) LÄNGE: 128 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 307:

5 IHQTAFSQMA NEAHFSLIPP GTSASSVFWR IQILTTSVIP SMRIPTVLSS KEHFAKLFYH 60  
RSFLKVFNFF FQSGFQHLIM CFFIIMHRIW PRDRFCVFIW NVHRRVVAYY CPAIRSQSKL120  
VVAIIIVW 128

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 308:

10 (A) LÄNGE: 467 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 308:

25 SRSKMAALRA LCGFRGVAAQ VLRPGAGVRL PIQPSRGVRQ WQPDVEWAQQ FGGAVMYP SK 60  
ETAHWKPPPW NDVDPPKDTI VKNITLNFGP QHPAAHGVL R LVMELSGEMV RKCDPHIGLL120  
HRGTEKLIEY KTYLQALPYF DRLDYVSMC NEQAYSLAVE KLLNIRPPPR AQWIRVLFGE180  
ITRLLNHIMA VTTHALDLGA MTPFFWLFEE REKMFEFYER VSGARMHAAY IRPGGVHQLDL240  
PLGLMDDIYQ FSKNFSLRLD ELEELLTNNR IWRNRTIDIG VVTAEALNY GFSGVMLRGS300  
30 GIQWDLRKTQ PYDVYDQVEF DVPVGSRGDC YDRYLCRVEE MRQSLRIIAQ CLNKMPPEI360  
KVDDAKVSPP KRAEMKTSME SLIHHFKLYT EGYQVPPGAT YTAIEAPKGE FGVYLVSDGS420  
SRPYRCKIKA PGFAHLAGLD KMSKGHMLAD VVAIIGTQDI VFGEVDR 467

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 309:

35 (A) LÄNGE: 131 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 309:

50 QPSVHEHTHT HTHTHTHTQR PISSEEQAPQ KKLIGRGDQT LLPCSPIYFS KYNILGTYDG 60  
NDICQHVSLR HLVQTSQMGK TRSLDLASIR AAAAIRHQVH PKLSLGLSLNG SICGSWRNLV120  
ALSIQLKVMN Q 131

55

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 310:

- 5 (A) LÄNGE: 100 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 310:

20 SQDTMRCWVL GPKVQGNVLH NCVLWRVHII PRWRLPVGCF FAWVHNSSPK LLCPFHIWLP 60  
LPNTSAGLNR QSDSSPRPQH LGRDAPEAAQ SPQRRHLTPA 100

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 311:

- 25 (A) LÄNGE: 162 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 311:

40 RRLRGGEPT DRRDPESRT PAPPPTPRAM DPKDRKKIQF SVPAPPSQLD PRQVEMIRRR 60  
RPTPAMLFRL SEHSSPEEEA SPHQRASGEG HHLKSKRPNP CAYTPPSLKA VQRIAESHLQ120  
SISNLNENQA SEEDELGEL RELGYPREED EEEEEDAARL KS 162

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 312:

- 45 (A) LÄNGE: 154 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 312:

10 VSLGRNLSAL PPLSLAHRHP ACISQEEVEG TSLFPRNPLY PHPVLCSSPR LLGLRLLTSR 60  
RLRLVCVCLF AHLWLIPREP GHLLPDAHPC QSFLHSPSGR WDVROPTLEN PENREQGFAL120  
HNSTPQILSP GHRRTGQDP KIWGKEVLRT LRYF 154

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 313:

15 (A) LÄNGE: 101 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 313:

30 AQGLGLFDLR WCPSPEALWW GEASSSGEEC SESRNSMAGV GLLRRIISTW RGSSWLGGAG 60  
TENWIFLRSL GSMARGVGGG AGVRDSGSRR RSVLGSPRR R 101

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 314:

35

(A) LÄNGE: 162 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 314:

SDRWTCSPPL GARSMSRFPA VAGRAPRRQE EGRSRDLQE ERLSAVCIAD REEKGCTSQE 60  
GGTPTFPPIQ KQRKKIIQAV RDNSFLIVTG NTGSGKTTQL PKLYEAGFS QHGMIGVTQP120  
RKVA AISVAQ RVAEEMKCTL GSKVG YQVRF DDCSSKETAI KY 162

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 315:

- 5 (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 315:

20 QIGGRARLHS GPGLCPGFPQ SRAGRQGGRR RVSGQETSRK SGSRLFASPI EKRKDARPRR60  
EELLQLFLFR NKEKRLFKL 79

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 316:

- 25 (A) LÄNGE: 69 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 316:

40 IGKVGVPVPPS WDVHPFSSLS AMQTAESRSS WRSLDRSPSS CRLGALPATA GNRDIDLAPS60  
GGEHVHRSE 69

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 317:

- 45 (A) LÄNGE: 173 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 317:

10 AQESPWQLCR GARTSKRKLP KLGMEQHCNE MCPSSLFLP GAYKAQMYSD VWTNTKKKKK 60  
KKKKKAFLSH RHKTQIIYCY EALFTNGQFL HFIAACERLP DGRPISLVLQ TSSQAIFYQK120  
GENSCLSFLK NAFLYLSIRH YTSELYKRP G TMSLVDTFH CSVAPFLAWE ASA 173

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 318:

15

(A) LÄNGE: 96 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 318:

AQESPWQLCR GARTSKRKLP KLGMEQHCNE MCPSSLFLP GAYKAQMYSD VWTNTKKHFL60  
KRKGMSFPLF DKKQPVMSKG AQERWVSHLE AFRTQL 96

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 319:

(A) LÄNGE: 105 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 319:

TCEPFRNPQV GKDP TPSLRI ICLAITGSWK CFLGCVKINQ GGMKHIFLAT KLEFLREQMQ 60  
RDLLLLLARLQ GPLWSHTEAV TGHKPRRARG SCAEAPGPLS GSFPS 105

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 320:

5

- (A) LÄNGE: 82 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 320:

IRKREQGRSS PAPWESVFAS VPFRGDDGIF DDNFIEERKQ GLEQFINKVA GHPLAQNERC60  
LHMFLQDEII DKSYPISKIR HA 82

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 321:

- (A) LÄNGE: 159 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 321:

RASPCPHGGQ QRRRRRLNAE GAEGARGGGS SYSEMAETVA DTRRLITKPQ NLNDAYGPPS 60  
45 NFLEIDVSNP QTVGVGRGRF TTYEIRVKTN LPIFKLKEST VRRRYSDFEW LRSELERESK120  
VVVPPLPGKA FLRQFLLEEM MEYLMTILLR KENKGWSSL 159

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 322:

50

- (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 322:

FTSQPFKVTV SSSNSRFFQL ENRKICLDPD FVSGEAPAD PHRLRVAHID LEEVAGGSVG 60  
VIQVLRRLGDQ PPGVSHGLRH FAVAAAAAAG SLRPLRVQPP PPPLLPVAVGT RARA 114

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 323:

(A) LÄNGE: 374 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 323:

35

RRAQESPLGR QSHLPRIYQA FLMSATFNEQ VQALKELILH NPVTLKLQES QLPAGPDQLQQ 60  
FQVVCETEED KFLLLYALLK LSLIRGKSL FVNTLERSYR LRLFLEQFSI PTCVLNGELP120  
LRSRCHIISQ FNQGFYDCVI ATDAEVLGAP VKGKRRGRGP KGDKASDPEA GVARGIDFHH180  
VSAVLNFDLP PTPAYIYHRA GRTARANNPG IVLTFVLPTQ QFHLGKIEEL LSGENRGPI240  
LPYQFRMEEI EGFYRRCRDA MRSVTQAIR EARLKEIKEE LLHSEKLKTY FEDNPRDLQL300  
LRHDLPLHPA VVKPHLGHPV DYLVPPALRG LVRPHKKRKK LSSSCRKAKR AKSQNPLRSF360  
KHKGKKFRPT AKPS 374

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 324:

(A) LÄNGE: 224 Aminosäuren

45

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:



(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 324:

5

QVRRAALLSS AMEDSEALGF EHMGLDPRLL QAVTDLGWSR PTLIQEKAIP LALEGKDLLA 60  
RARTGSGKTA AYAIPMLQLL LHRKATGPVV EQAVRGLVLV PTKELARQAQ SMIIQQLATYC120  
ARDVRVANVS AAEDSVSQRA VLMEKPDVVV GTPSRILSHL QQDSLKLRDS LELLVVDEAD180  
LLFSFGFEEE LKSLLEWGRV TCPGFTRLFS CQLLLTRTYK HSRS 224

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 325:

(A) LÄNGE: 115 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 325:

30

FFFFFFFFFG AAKIFILLSR GKMPAWKCG AKGPSTAGPR TVCSGCAVST RASPVHEGCK 60  
PVLHNVLSSR EAQQPQEGLA VGLNFFPLCL KLRSGFWDFA LLAFLQEEDS FFRFL 115

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 326:

(A) LÄNGE: 66 Aminosäuren

35

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 326:

50

YLQCQRSLCG AKCVTWAVET RHLLSPALMT LRKEDVIQCK FLIPKLPVHV NRTSFYSSRC60  
TGSLAP 66

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 327:

- (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 327:

FRSCLFMLTG LLFIRQDVLV PWHLKGNPDK GKPVEPF GPI GSQDPSPVFH RYYHVFREGE60  
LEGACRTVSD VRILQSYDQ GNWCVILQKA 90

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 328:

- (A) LÄNGE: 83 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 328:

SGLLKNHTPV SLIVVALQNS DITHSPAGTF QFSLTEHMOV TMKHRTWVLG SYGKWLNR60  
AFIRISLKVP GNQYILTNNK KSC 83

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 329:

- (A) LÄNGE: 185 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 329:

5

ERRSKSREER EKEREREREE RERKRRREEE EREKERARDR ERRKRSRSRS RHSSRTSDRR 60  
CSRSRDHKRS RSRERRRSRS RDRRRSRSHD RSEKHSRSRS RDRRRSKSRD RKSYPKRSKS120  
RDREQDRKSK EKEKRGSDDK KSSVKSGSRE KQSEDNTES KESDTKNEVN GTSEDIKSEG180  
DTQSN 185

10

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 330:

15

- (A) LÄNGE: 178 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

20

## (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

## (iii) HYPOTHETISCH: ja

25

## (vi) HERKUNFT:

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 330:

30

YHFPSIQCLC LHS AFLDYRT SHYFFYHQIP SFLSPWIFYL VLCPDFCSCA YMTFDPGFLI 60  
FFDPDFEICV FFLIDHGFCF FVDLYFCSAF FLYFVTFCGP ETCCIFCLMF GLSVYFVND120  
SFFFLCHEPF LFLFLPLPFV FSFLFLPFLS PVLSSLCS CFSFLRRSSR IRLFGSSP 178

35

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 331:

- (A) LÄNGE: 182 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

## (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

## (iii) HYPOTHETISCH: ja

## (vi) HERKUNFT:

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 331:

VSPS DLMSSL VPLTSFLVSL SFDSVFVSSL CFSRLPDFTL LFLSSDPLFS FSLDFLSCSL 60

SRLLLLCLYD FRSRLFDLLR SRLRDLCLFS DRSWLLLLRR SLLLLRLLSL LRDLLWSRDL120  
LHLLSDVRLE CLLRERLLFL LSLSRALSFS LSSSSLRLFL SLSSLSLRS FSLSSLLLLL180  
LS 182

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 332:

- (A) LÄNGE: 88 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
10 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 332:

25 GFGMQLVILR VTIFLPWCFA VPVPPAADHK GWDFVEGYFH QFFLTEKESP LLTQETQTQL60  
LQQFHRNGTD LLDMMQMHAS TAAPLWGA 88

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 333:

- (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren  
30 (B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 333:

45 PRRSRHSLPR RHKHSSCNNS IGMGQTYLTC RCMLLLQQPH CGVPDGS DNC ISPGRCKWIK60  
H 61

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 334:

- 50 (A) LÄNGE: 62 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 334:

STCIFLARCS CRTHQAPHSG AAVAEACICM SSRSVPFRWN CCRSCVCVSW VRSGDSFSVR60  
KN 62

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 335:

(A) LÄNGE: 61 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 335:

35 VCPIMELLQ ELCLCLLGKE WRLLLGQEKI MEIALNKVPS FMVCSRGHWN GETPGQEDSN60  
S 61

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 336:

40 (A) LÄNGE: 63 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 336:

AEDTIQKRNS QFETVTPPAP NCGDEERKQW LWFLSEGRRLR TERSNHQGHR FWKSSRGGWL60  
EEQ 63

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 337:

(A) LÄNGE: 65 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

10

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 337:

KGWRSDFTVG GRQRDGQHVQ TGSFFSISLL SKSRTAQWLC QGSSSYSHF SGSLKSTRYY60  
RGSRS 65

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 338:

(A) LÄNGE: 249 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

30

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 338:

SCGDVEQKIQ FKRETASLKL LPHQPRIVEM KKGSNGYGFY LRAGSEQKGQ IIKDIDSGSP 60  
AEEAGLKNND LVVAVNGESV ETLDHDSVVE MIRKGGDQTS LLVVDKETDN MYRLAHFSPF120  
LYYQSQELPN GSVKEAPAPT PTSLEVSSPP DTTEEVDHQP KLCRLAKGEN GYGFHLNAIR180  
GLPGSFIKEV QKGGPADLAG LEDEDVIEV NGVNVLDPEY EKVVDRIQSS GKNVTLLVCG240  
KKAYDYFQA 249

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 339:

(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 339:

15

ITGVQPEHIQ YLKNYFHLWT RQLAHYHYH IHGPKGNEIR TSKEVEPFNN IDIEISMFEK60  
GKVPKIV 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 340:

20

(A) LÄNGE: 44 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 340:

RIFITTIFMA QKEMKYEHQK KLNLSLIL KFLCLKKGRY LRLS

44

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 341:

40

(A) LÄNGE: 46 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 341:

KVQLLLMFVF HFLLGHEYSS DKYALTVVSK GGNNFSSTVC VLVVPL

46

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 342:

(A) LÄNGE: 237 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 342:

GRWRRRLRHG RGSAAVAVGPT AMAELLQEEL SVLAAIFCRP HEWEVLSRSE TDGTVFRIHT 60  
KAEGFMDADI PLELVFHLVP NYPSCLPGIS INSEQLTRAQ CVTVKEKLE QAESLLSEPM120  
VHELVLWQQ NLRHILSQPE TGSGSEKCTF STSTMDGDL WITLLHLDHM RAKTKYVKIV180  
EKWASDLRLT GRLMFMGKII LDFTTGRQKQ PQGVLDSEN LQSRCGLKWK EMQREND 237

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 343:

(A) LÄNGE: 89 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 343:

YLILLQGDRN NLKVYLILQK TSKVDVDSSG KKCKEKMISV LFETKVQTEH KRFLAFEVKE60  
YSALDELQKE FETAGLKKLF SEFVLALVK 89

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 344:

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren



- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 344:

PLPKSNAKTT KNTAILLKDS CLPFHFTRAS TNSEKSFLSP AVSNSFCNSS NAEYSLTSNA60  
RNLLCSVCTF VSNSTLIIFS LHFFPLESTS TLEVF 95

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 345:

- (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- 25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 345:

RAGLFPGRRV GLEAENGPCP HQHGDFVPCP VLSARMSQPE AEEAALVAHA VGHDCVCSGG60  
GVLLPHHRRN NL 72

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 346:

- (A) LÄNGE: 171 Aminosäuren
- 45 (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 346:

GRACFRGGAW GLRPRALAA TNMETLYRVP FLVLECPNLK LKKPPWLHMP SAMTVYALVV 60  
VSYFLITGGI IYDVIVEPPS VGSMTDEHGH QRPVAFLAYR VNGQYIMEGL ASSFLFTMGG120  
LGFIILDRSN APNIPKLNRF LLLFIGFVCV LLSFFMARVF MRMKLPGYLM G 171

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 347:

(A) LÄNGE: 82 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 347:

EAGCKSFHNI LSIYSVGQES YWPLMPMFIS HRTDTWRFN NIINYSSGDE EVRHHHQSIH60  
SHGRRHVQPG RLLQLQVGTG EH 82

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 348:

(A) LÄNGE: 103 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 348:

HKVIVVWNNI GEKAPDELWN SLGPHPIPIVI FKQQTANRMR NRLQVFPELE TNAVLMVDDD 60  
TLISTPDLVF AFSVWQQFPD QIVGICFLES TSFTFIQGIY SYW 103

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 349:

- (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 349:

ESKNKVGAD ECVIIYHQC IGFQFRKDLE SISHPVCCLL FEDHRDRVGP

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 350:

20

- (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 350:

SGNCCQTEKA KTRSGVLMSV SSSTINTALV SSSGKTWSRF LILFAVCCLK ITGIGWGP60  
FHNSSGAFSP ILFHTTITL

79

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 351:

- (A) LÄNGE: 70 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 351:

5 GTLRHSVHV V PPKHGHHKVL SSGVCSRLLG IQREGRNQEF QKHIHVATPA TSGILCSDKL60  
HGWEVFFLAR 70

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 352:

10 (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 352:

25 HLIPFMAKSS FRVGNTQTFC ACCSPKAWSS QSPEFWCVLP PPGYTERRQE SGVPEAYTCG60  
YPSNKRHPVL R 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 353:

30 (A) LÄNGE: 60 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 353:

45 SGQCGMQLGP DQPSSEQMAV VPISTKPQRA RKNTSQPCSL SEHRMPLVAG VATCICFWNS60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 354:

50 (A) LÄNGE: 225 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 354:

15 GLPARRPQCF LRAEMANSGL QLLGFSMALL GWVGLVACTA IPQWQMSSYA GDNIITAQAM 60  
YKGLWMDCVT QSTGMMSCM YDSVLALSAA LQATRALMVV SLVLGFLAMF VATMGMKCTR120  
CGGDDKVKA RIAMGGGIIF IVAGLAALVA CSWYGHQIVT DFYNPLIPTN IKYEFGPAIF180  
IGWAGSALVI LGGALLSCSC PGNESKAGYR APRSYPKSNS SKEYV 225

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 355:

20 (A) LÄNGE: 111 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 355:

QHHHGPGHVQ GAVDGLRHA E HGDDELQNV R LGARPV RGLA GHSSPNGGLP GAGLPGHVCG 60  
HDGHEVHALW GRRQSEEGPY SHGWRHNFHR GRSCRLGSL L LVWPSDCHRL L 111

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 356:

(A) LÄNGE: 154 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 356:

5 CCHPHRSSSA TAGWRCRPPD PPSPAGPWRS PATAGPNWPF PPSSENTGGAG RGDPTVKQTT 60  
LGGQPHKRKL EVEFSGHPRK QKGFGPGECK SCHQTTHKST PPVKRWPRGT GSRIRREGGS120  
RQNWWSPKAR RFPPGALGDP LSPPASRLLT GVGP 154

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 357:

10

- (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 357:

NLTQVTFLFF CPPNVHASR LHFEALMNIP VLVLDVNDDF AEEVTKQEDL MREVGRTILTP60  
VFLVSLWLY LL 72

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 358:

- (A) LÄNGE: 69 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

45

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 359:

50 SPSHLSHEVF LFGYFLSKII IDIQHQHWNV HQSLKVEPIR SVNVGTEKK KCNLSQVSHT60  
RQVLLREQI 69

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 360:

- (A) LÄNGE: 53 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 360:

15 KRYNQRETR KTGKVLPTS LMRSSCLVTS SAKSSLTSNT STGMFIRASK WSL 53

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 361:

20 (A) LÄNGE: 111 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 361:

35 SCWETKWTSC PRMLLATGRG CGSDCGRTVP APGSCWPLAP RATAPROGRA TGRGESESAE 60  
LVPHSGQGRA ADQRQDRLWS GRVDLCPSAL LALPWGRLLS GRHQRRQIHS L 111

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 362:

40 (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 362:

5 TRNGSVFGCY RPHRFPAKGS VSLVYSRGFQ HPPCAYHLLG QGRRSVSEAC RSYVTPDSNG 60  
WKRTNGQDFL LLLLKTLMVK RKDWGQPGSS GPTSKFPLQV ILCQALFKK 109

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 363:

- 10 (A) LÄNGE: 381 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- 15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 363:

25 GPARRPAARL ARAGGPQAAD RAGKQSGPPA PGCSWLPAEA AGATVGGLCP RRAPAGPWHQ 60  
GPQRPVKDEP QDGENPNPPN WSRTVVRDVR LISAKTGYGV EELISALQRS WRYRGDVYLV120  
GATNAGKSTL FNTLLESYDC TAKGSEAIDR ATISWPWPGTT LNLLKFPICN PTPYRMFKRH180  
30 QRLKKDSTQA EEDLSEQEQN QLNVLKKHGY VVGRVGRFTL YSEEQKDNIP FEFDADSLAF240  
DMENDPVMGT HKSTKQVELT AQDVKDAHWF YDTPGITKEN CILNLLTEKE VNIVLPTQSI300  
VPTFVLKPG MVLELGAIGR IDFLQGNQSA WFTVVASNIL PVHITSLDRA DALYQKHAGH360  
TLLQIPMGKK ERMGRISSC C 381

## 35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 364:

- (A) LÄNGE: 182 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 364:

QPSTTCTSVL VCLLSAMPLP VALQTRLAKR GILKHLEPEP EEEIIAEDYD DDPVDYEATR 60  
LEGLPPSWYK VFDPSGLPY YWNADTDLVS WLSPHDPNSV VTKSAKKLRS SNADAEEKLD120  
55 RSHDKSDRGH DKSDRSHEKL DRGHDKSDRG HDKSDRDRER GYDKSRNGIR DRGYDQADRE180



EG

182

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 365:

5

- (A) LÄNGE: 149 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## 20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 365:

RRHERDGRCD SLPLPARVYW SVCYQLCRCP LRCRPAWPRE ASSNIWSLNQ RKRSLPRTMT 60  
MILWTTRPPG WRAYHQAGTR CSTLPAGSLT TGMQTQTLYP GSPHMTPTPW LPNRPRSSEA120  
VMQMLKKSWT GAMTSRTGAM TSRTAAMRN 149

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 366:

- (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 366:

PRSRSLSDLS WPRSDLSWPL SSFSWLRSDL SWPLSDLSWL RSNFSSASAL LLLSFLADLV60  
TTELGSCGES QDTRSVSAFQ 80

45

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 367:

- (A) LÄNGE: 160 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 367:

VAQQPALIHG YRKAVLTPNH VEFSLRYDAV LRGPMSDDS HGSVLRLSQA LGNVTVVQKG 60  
ERDILSNGQQ VLVCSQEGSS RRCGGQGDLL SGSLGVLVHW ALLAGPQKTN GSSPLLVAAF120  
GACSLTRQCN HQAFQKHGRS TTTSDMIAEV GAAFSKLFET 160

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 368:

(A) LÄNGE: 164 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 368:

ILNGNQFMLK LKIWQAPYAF STRVGPDPFI THTLSPVQGA CLLLVCAGSG FKELAEAGGPH 60  
35 LGDHLVGGGG ATVLLEGLVV ALPGERAGAK RGHQERAGPI CFLWSSKERP VYQDAQGARQ120  
EVPLPSTPAA AAFLAAHKHL LAVGEDVALS FLDHRHVAQG LAES 164

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 369:

40

(A) LÄNGE: 187 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 369:

5 KSGKHRTPSA HAWVRIFPSH TRSPPSKVPV YFWSARAQVS KSLKKAAPTS AIMSEVVVER 60  
PCFWKAWWLH CLVREQAPNA ATRRGLDPFV FCGPARSAQC TRTPREPDRR SPCPPHLRLL120  
PSWLHTSTCW PLERMSRSPF WTTVTLPRAW LSLSTDPWLS SLSIGPLSTA SYSLNSTWL180  
GVSTAFR 187

## 10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 370:

- (A) LÄNGE: 40 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:  
25

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 370:

LFLFTNHNDG GKPCKKHQHC HQLRICDQEC HLTVTGRRQK 40

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 371:

- (A) LÄNGE: 34 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
35 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :  
:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 371:

50 QAEDKSETGL MRITGKLALA PPENELFHSL ADHP 34

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 372:

- (A) LÄNGE: 38 Aminosäuren

- (B) TYP: Prot in
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 372:

NSSFSGGAKA SFPVIRISPV SLLSSACYRE MALLITDP

38

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 373:

20 (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 373:

RQLFGIVSIA TLTVLAYERY IRVVHARVIN FSWAWRAITY IWLYSLAWAG APLLGWNRYI 60  
LDVHGLGCTV DWKSKDANDS SFVLFLFLGC LVVPLGVIAH CYGHILYFHS NASLVWKIFR120  
QFK 123

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 374:

(A) LÄNGE: 121 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

45 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 374:

5

TVHSRGPCQS DQFFLGLEGH YLHLALLTGV GRSTSPGMEQ VHPGRTRTRL HCGLEIQGCQ 60  
RFLLC AFLIS WLPGGAPGCH SPLLPYSIF PFECFVGVED LQTIQVIKIL KYEKKLAKMC120  
F 121

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 375:

(A) LÄNGE: 58 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 375:

HPGAPPGSQE IRKAQRRNRW HPWISSPQCS LVRVRPGCTC SIPGEVLLPT PVSRARCR 58

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 376:

(A) LÄNGE: 49 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

35

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 376:

AFTCDFVPLC GLLEQWTTKS AMQFIKVDLV ICHPTAYGPC KPVLEANIL

49

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 377:

(A) LÄNGE: 68 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 377:

FCTTLWPSGA MDNQVSYAVH KSGPGYMSSN SIWSLQACFG SQYSITYRNP LESDVFGSNI60  
FSQGSNGL 68

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 378:

- (A) LÄNGE: 64 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 378:

HITRSTFMNC IADLVVHCSR RPQSGTKSQV KAQTAPVILV VLSLHSSPLA KTGLNMKSPA60  
PRPQ 64

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 379:

- (A) LÄNGE: 144 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 379:

5 APISSNFCSE SIWGYCDQLK VSESTHVLQP FLPSILDGLI HLAAQFSSEV LNLVMETLCI 60  
VCTVDPEFTA SMESKICPFT IAIFLKYSND PVVASLAQDI FKELSQIEAC QGPMQMLIP120  
TLVSIMQAPA DKIPAGLCAT PLIS 144

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 380:

10

- (A) LÄNGE: 254 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 380:

YEIQSLPFPS FSSAKLSLLW HVPFTQMTM PSVQNGGECL RAYVSVTLEQ VAQWHDEQGH 60  
NGLWYVMQVV SQLLDPRTE FTAAEVGRLV STLISKAGRE LGENLDQILR AILSKMQQAE120  
30 TLSVMQSLIM VFAHLVHTQL EPLLEFLCSL PGPTGKPALE FVMAEWTSRQ HLFYGYEGK180  
VSSVALCKLL QHGINADDER LQDIRVKGEE IYSMDGIRT RSKSAKNPER WTNIPLLVKI240  
LKLIINELSN VMGG 254

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 381:

35

- (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 381:

50

SLSGPNANEA DSHSGQHNAG PSRQDSCRAL CDTIDILTTV VRNTKPPLSQ LLICQAFPAV60  
AQCTLHTDDN AISAEWRRVL AGLCVSDPGT SSPVA 95

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 382:

- 5 (A) LÄNGE: 263 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 382:

20 APISSNFCSE SIWGYCDQLK VSESTHVLQP FLPSILDGLI HLAAQFSSEV LNLVMETLCI 60  
VCTVDPEFTA SMESKICPFT IAIFLKYSND PVVASLAQDI FKELSQIEAC QGPMQMRLLP120  
TLVSIMQAPA DKIPAGLCAT PIDILTTVVR NTKPPLSQLL ICQAFPAVAQ CTLHTDDNAT180  
MQNGGECLRA YVSVTLEQVA QWHDEQGHNG LWYVMQVVSQ LLDPRTSEFT AAFVGRLCFH240  
PHLQGRAGTR GESRPDFFVP SFS 263

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 383:

- 30 (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 383:

45 TLRCGGPGAG SPLASHTTVH CGPAHHATGL LVPGSLTHRP ASTLRHSAWW HCHLCEGYTV60  
PQQGKLGR 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 384:

- 50 (A) LÄNGE: 97 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF



(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 384:

HIGPQALSAI LHGGIVICVK GTLCHSRESL ADEKLGKGR L CISYYCCQDI NGCRTKPCRN60  
LVCWGLHYAD QSGNQPHLHW ALTGFNLGQL LEDVLSQ 97

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 385:

(A) LÄNGE: 140 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja  
25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 385:

TRSSSPQTIT FDACVVIPCG DLQSQKQLSD SEKYLCPFKI KGSPYQDPCS LTNAGKQVCH 60  
SWNEVVWTTT YQGWTSSTGG CMSLKPYIHF TKESTPHNCQ YNQCNPVQIS ILIPTSTDPK120  
35 PTLSCGIWHG SRNSRGTSYW 140

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 386:

(A) LÄNGE: 49 Aminosäuren  
40 (B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF  
45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
50 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 386:

DVPLLFRLLPC HIPQLKVGLG SVEVGMRIEI CTGLHWLYWQ LWGVLSLVK

49

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 387:

5

- (A) LÄNGE: 51 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 387:

SECMVLRITYN HRLTRSSLDI QLSTPPHSSY GRPVFLHSLR NKGLDRGSLL S

51

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 388:

25

- (A) LÄNGE: 97 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 388:

SSSPLSFCWF LPSPAASCSS SCPSGMTSWS RSGPSISGFS WLTDRACCTC GVWPSSPAPP60  
KPLPPTGLSS TPAPGLAPAA ACPSEAPINT DLMVPFP

97

## 45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 389:

- (A) LÄNGE: 148 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 389:

10 GKGTMRSVLI GASEGQAAAG ARPGAGVEDR PVGGRGFGGA GELGQTPQVQ AALSVSQENP 60  
EMEGPERDQL VIPDGQEEEQ EAAGEGRNQQ KLRGEDDYNM DENEAESETD KQAALAGNDR120  
NIDVFNVEDQ KRDTINLLDQ REKRNHTL 148

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 390:

15

(A) LÄNGE: 84 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 390:

GPRDRLIQPS YFQRGKWGLE VTEHLAGALA PLASHRLPSS WDYRHTVTEA GPVCNSRCHL60  
QLKHSSYVMS LVTKVKLSHP EKAT 84

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 391:

(A) LÄNGE: 59 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

40

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 391:

CGKKCITLFL FLSPSLPLWC LRYWGSHSWG HSEATRNAS LHLAVSARTR NPQTSSQTS 59

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 392:

- 5 (A) LÄNGE: 107 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 392:

20 TPRNLNFHFSK LTQFHCVNTV SLGSTKHPIT QFCFIVWTPS RLQGHGQEV CEEVCGFLVL 60  
ALTARCKLEA FLVASEWPQL WDPQYLRHHR GREGDRNRNR VMHFFPH 107

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 393:

- 25 (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 393:

40 VAPAVGSPVS QAPQRQRGGQ EQKQSYAFLS TLKKRNYTFR GMLSPRSTSS PVFHDLPKK60  
I 61

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 394:

- 45 (A) LÄNGE: 74 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 394:

10 CNCAPSLPDF SPLHPQCGIS LVPRGTPLDL WTSRPGQEA TRNPRPLLLK FTASVVVPDS60  
SPAPGTTSTW GGAF 74

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 395:

15 (A) LÄNGE: 112 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 395:

30 ATVHPACQIF PHYTPSVAYP WSPEAHPLIC GPPGLDKRLL PETPGPCYSN SQPVWLCLTP 60  
RQPLEPHPPG EGPSEWSSDT AGRPCPYPH CQVLSAQPGS EEELEELCEQ AV 112

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 396:

35 (A) LÄNGE: 45 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 396:

50 DRRSHGLLLY NLPGEQFKNM NQDPFDPLII QKSTQKYAQK YVGIH 45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 397:

- (A) LÄNGE: 43 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einz I  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 397:

ERLSHCRLSV MLALISLCTP CTHAFSPV FY QASVSCITLK CDH

43

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 398:

- (A) LÄNGE: 64 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 398:

WIKRILIHIF KLLSREVV KQ QSMRASISLP LLGDACPHLP MYPMHSCLLS CFLSSLSEFMY60  
YTKM

64

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 399:

- (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 399:

HIKIEFFGQN FWEAMHPTWA DIQPELFSRG EWYWQFMAEI HSDWLESMLY QLLNLSITL60  
AYCYYYISSI YRQKGHF 77

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 400:

(A) LÄNGE: 48 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 400:

SSLGKTFGKQ CILHGLIFSL SCSQEESEGTG SLWLKSILIG WSLCYTSC 48

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 401:

(A) LÄNGE: 48 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 401:

FRNPALIEPS VGSTAEIFRA FNILKMAFLS IYRGNIIIVTV CKSDTQNV 48

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 402:

(A) LÄNGE: 70 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein

- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 402:

15 EQLRLNISPC RMHCFPKVLP KELYFYVLSH RTGEKCSGHC WDLIFLGMGS GLMILATGVQ60  
ENGSPGSDSW 70

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 403:

- (A) LÄNGE: 63 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 403:

35 MCDFIRGICQ FSHCGSFSD F ACSSSKEARS FADFTIPQTC KFLTSSKLAL ALSSTFPFKS60  
NLC 63

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 404:

- (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:



## (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 404:

5

MGITHECVIL LGASANSLTV VPSLTLPVHH LRRLDPSLTS PFLKPVSFSL LPNWLWLFQ60  
PFHSRAIFAK E 71

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 405:

10

- (A) LÄNGE: 63 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

## (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

## (iii) HYPOTHETISCH: ja

20

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 405:

LGDHIYNWDV NHFFSGIRAO RHNLQGHIIY YEHFTVRLFI LPSTCAEMKP KQAVGFHKSI60  
YVG 63

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 406:

30

- (A) LÄNGE: 88 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

## (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

## (iii) HYPOTHETISCH: ja

40

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 406:

LVEPNGLFWF HFSASRRQNK ESHSKMFIVD NMSLKVVPLC SYSTEEMIHI PIIDMVSQSE60  
ESFRRLLHKYV LCTCPMLGNR KIIVIDKT 88

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 407:

- (A) LÄNGE: 269 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 407:

15 LTVVYTVFYA LLFVFIYVQL WLVLRYRHKR LSYQSVFLFL CLFWASRRTV LFSFYFKDFV 60  
AANSLSPFVF WLLYCFPVCL QFFTTLTMNL YFTQVIFKAK SKYSPELLKY RLPLYLASLF120  
ISLVFLLVNL TCAVLVKTGN WERKVIVSVR VAINDTLEVL CAVSLSICLY KISKMSLANI180  
20 YLESGSSVC QVTAIGVTVI LLYTSRACYN LFILSFSQNK SVHSFDYDWY NVSDQADLKN240  
QLGDAGYVLF GVVLFVWELL PTTLVVYFFR VRNPTKDLTN PGMVPSHGFS PQILFL 296

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 408:

25 (A) LÄNGE: 152 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 408:

40 HRRLHRVLRA ALRVHLRAAL AGAALPPQAA QLPERLPLSL PLLGLPADRP LLLLLQRLRG 60  
GQFAQPLRLL AALLLPCVPA VFHPHADELV LHAGDFQSQV KIFSRITQIP VAPLPGLPLH120  
QPCFPVGEFN LCCAGKDGKL GEEGYRLCAS GH 152

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 409:

45 (A) LÄNGE: 100 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 409:

10 LGFENHLREV QVHQREGEKL QAHREAVEQP EDEGAERIGR HEVFEVEGEE DGPPGGPEEA 60  
EKEEDALVAE PLVAVTQHQP ELHVDEHEEQ RVEHGVDDGE 100

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 410:

(A) LÄNGE: 268 Aminosäuren

15 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 410:

30 APISSNFCSE SIWGYCDQLK VSESTHVLQP FLPSILDGLI HLAAQFSSEV LNLVMETLCI 60  
VCTVDPEFTA SMESKICPFT IAIFLKYSND PVVASLAQDI FKELSQIEAC QGPMQMRLLP120  
TLVSIMQAPA DKIPAGLCAT AIDILTTVVR NTKPPLSPLL ICQAFPAVAQ CTLHTDDNAT180  
MQNGGECLRA YVSVTLEQVA QWHDEQGHNG LWYVMQVVSQ LLDPRTSEFT AAFVGAFVST240  
LISKAGRELG ENLDQISSCH PSVKMAGG 268

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 411:

(A) LÄNGE: 97 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 411:

HIGPQALSAI LHGGIVICVK GTLCHSRESL ADEKLGKGRL CISYYCCQDI NGCRTKPCR60

LVCWGLHYAD QSGNQPHLHW ALTGFNLGQL LEDVLSQ

97

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 412:

- 5 (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 412:

20

PPAILTEGWH EEIWSRFSPS SRPALEMRVE TKAPTKAAVN SEVRGSRSWL TTCITYHSPL60  
WPCSSCHWAT CSRVTDT 77

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 413:

25

- (A) LÄNGE: 62 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 413:

IGFASIPPRI SGSPSILLAF YPHPPSPKLG PVLLCARETP KFRRKSIFYR GGFILDQKNK60  
KN 62

## 45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 414:

- (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 414:

10 DLIYNYCYCYP SDLSFSAIDV IAISSSHNV FNPALILMLR MEFLTSSLKE PQPPNTYTYT60  
SRIAK 65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 415:

15 (A) LÄNGE: 94 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 415:

30 LDSLPFHVVF PDPHPSFWLF TRIRHLRSWG QCYYPGKPR NLGENQYFTG EDSSLTKKIK60  
KIKNTKKFMF LYCIPKECLY TVIILKENTS MLDI 94

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 416:

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 416:

GRRNDQLNLH IPQAGPFAGP YRLGWPLLSS GIRLPDWLVL HVSIKLKVIP WPPPGENQPH60

PASWGQWGRD FGLSEQLLEA AHD

83

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 417:

- 5 (A) LÄNGE: 93 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 417:

20

RRKASIIAFK GILLTLTQGV QSAREPILIS SSKMFLEENP WNVLKDVSGV RSSMWLAKGH60  
LYLFQLEFIN SCSLVSLGAE VWHIFKPVHS RIQ 93

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 418:

25

- (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 418:

TLNPHKTLISA KKRARVIFFCI QDSTANLVFC YKNLVSHFLL KRTRITGTHP QLHETPSFLN60  
EHESIYVHPS THMKMLCSST GMDGIRIKPI WKLKYF 96

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 419:

- (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 419:

10 YSFFFLYQN NHLPLFFLER EEESGEEGKN AKCHFELLVH HTRGSPLMSA ASVHRPQVKE60  
RMRSSWTS 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 420:

15 (A) LÄNGE: 60 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 420:

30 KPSIHFFFSC TKTIIFLYFS WSGKRRVEKK GRMQSVTLNF SFTTHVGVHS CQQPPCTGPR60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 421:

35 (A) LÄNGE: 52 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 421:

50 DAGCRFVAPA LSGSPEITPQ RQLPFVNTRQ AVLAGPTRPH SFFHLGPVHG GC 52

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 422:

- (A) LÄNGE: 52 Aminosäuren  
(B) TYP: Prot in  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 422:

VLGKSSMSIT IVWKANLHPK QIEVSQVKPH RMANRCLGCR MQVRGPGPVW LP 52

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 423:

- (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 423:

YRYVFPTTHY GYNGVELQTV KFCFGLVSPD PPRQELPLPP YLPALKLCPI KLDTNLTGF 59

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 424:

- (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:



(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 424:

5

VTCLSLYVET NFTMITDLN ISSLNFHTIL KCLLGKLTPE CSKGALHLLK PWGHTSSVAS60  
EGQILWVVD NFVLTYVIL 79

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 425:

(A) LÄNGE: 102 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 425:

HKKTSSYSGV TVCSYDSIIR LKAGEICVQF NRTQLKGRQV GWERKLLSGG IRGNQSKTKF 60  
YCLQFNSIIA IMCSGKHIPV LLDRVSFPFS GTKMVEGIIN PT 102

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 426:

(A) LÄNGE: 81 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

35 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 426:

50 SMPFQFGTOP RRFVVEGGDS SIELEPGLSS SAACNGKEMS PTRQLRRCPG SHCLTITDVP60  
VTVYATTRKP PAQSSKEMHP K 81

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 427:

(A) LÄNGE: 62 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 427:

15 GRASALACHR YRSDWASGLY ILAALSTSSS IGSSGGRGNW QQVGNYVKES PDVIISGCHR60  
NI 62

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 428:

20 (A) LÄNGE: 100 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 428:

REHQLLSGND FQGTSGVAWL VTSPSHYRQH WSSAQVPAQL KNLLPLETS LAGFQIEKAY 60  
FTENQKRLSL IPVEVNKSM L STGLSTEGWN CQRNDDQMFR 100

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 429:

(A) LÄNGE: 40 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 429:

5 NSHLNVTLLI IMLIFSISYR NQSLCLKLRG LKNVYHSIFI

40

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 430:

- 10 (A) LÄNGE: 31 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 430:

25 GGIGYKGRYL NSSNNGYNPF FHNHLGCFKA I

31

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 431:

- 30 (A) LÄNGE: 53 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 431:

45 TLIPIIRDAKN QHNYQCHIQ VGILPNTTIK GRIKLDNLIK KYKAFKNLTH HLK

53

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 432:

- 50 (A) LÄNGE: 31 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 432:

IALKHPKWLW KKGLYPLFEL FRYLPLYPIP P

31

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 433:

15

(A) LÄNGE: 85 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 433:

CNIFQWGPSE HTCWTVQTIS SPEGKYFCIR GNSVLERNMF FISQIKTLSN GKLASNFFKY60  
SIFFSPLVVT GFYRSSYTVC FNSGP 85

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 434:

(A) LÄNGE: 81 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 434:

LLIREINQVF PLIYDAIYFS GGLQSTPVGR CKPYLLQKAN TTVSEETQFW RGICSLYLKS60

KLSLMVNWLL IFLSTVFFFP L

81

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 435:

- 5 (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 435:

20

YKSICLLEKI WFAPSNRCAL KAPTEIYCII DEGKDLVNFS YQKLVFRTSC PTWLPGAQGF60  
FSEIVLRDPQ TCSPSPGATC ASSPRRQAVR SMRLS 95

## 25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 436:

- (A) LÄNGE: 81 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 436:

SCAFLLLLWGH SGPTWASMDP GLEQAHLHLF HLRQCGSRCQ EGLTSGPSRF LCARNERP60  
ILPPRLDPEV RAGQPSRKHT V 81

45

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 437:

- (A) LÄNGE: 94 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
50 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 437:

10

SRWNSHPLL ISPLTSKLK SSSKSHCQLP YVVLGPPEW NLAPWGGLIP AREHSCFSRD60  
TVACMGQHGP WADHVHSCFS GDTVGPHGPA WTLG 94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 438:

15

(A) LÄNGE: 91 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 438:

HLEPHCLRWK RWRCACSSPG SMLAHVGPLC PQRSRNAHDQ PRVHAGPCRP LCPLRSRNAL60  
VPELNHPRVP GSKAPWDPEP HTEVGNGSLM S 91

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 439:

(A) LÄNGE: 456 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 439:

ITKTHKVDLG LPEKKKKKKV VKEPETRYSV LNDDYFADV SPLRATSPSK SVAHGQAPEM 60

PLVKKKKKKK KGVSTLCEEH VEPETTLPAR RTEKSPSLRK QVFGHLEFLS GEKKNKKSPL120  
AMSHASGVKT SPDPRQGEET TRVGKKLKKH KKEKKGAQDP TAFSVQDPWF CEAREARDVG180  
DTCVSGKKDE EQAALGQKRK RKSPREHNGK VKKKKKIHQE GDALPGHSPK SRSMESSPRK240  
GSKKKPVKVE APEYIPISDD PKASAKKKMK SKKKVEQPVI EEPALKRKKK KERESGVAGD300  
5 PWKEETDTDL EVVLEKKGNM DEAHIDQVRR KALQEEIDRE SGKTEASETR KWTGTQFGQW360  
DTAGFENEDQ KLKFLRLMGG FKNLSPSFSR PASTIARPNM ALGKKAADSL QQNLQRDYDR420  
AMSWKYSRGA GLGFSTAPNK IFYIDRNASK SVKLED 456

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 440:

(A) LÄNGE: 125 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 440:

VRVCFLPRV SCYPTLSLLL FLPFQSWLLD DWLLYLLFGL HLFLCGGLRV ITYGDVFRSL 60  
NFDWLLFTSF PRAALHGPGG LGVAWEGISL LVDFFFLLHL PIVFSGALPL PFLPQGCLFL120  
30 ILLPH 125

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 441:

(A) LÄNGE: 381 Aminosäuren

35 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 441:

50 SRCRFCCRLS AAFLPRAMLG LAIVLAGRLN EGDRFLKPPI SLRNFSFWSS FSKPAVSHWP 60  
NWVPVHFLVS EASVLPDSRS ISSCKAFRLT WSMCASSMLP FFSNTTSKSV SVSSFQGSPA120  
TPLSLSF FFF LFRAGSSMTG CSTFFLDFIF FFAEALGSSL MGYSGASTL TGFFLLPFLG180  
LLSMDLEGLE WPGRASPSWW IFFFFFTFPL CSLGLFRFRF CPKAACSSSF FPTEQVSPTS240  
LASLASQNQG SWTEKAVGSW APFFSFLCFL SFLPTLVSSS PCLGSGEVFT PEAWDMARGD300  
55 FLFFFSPLRN SKWPNTCFLR LGDFSRLAG SVVSGSTCSS QRVLTPEFFF FFFFTRGISG360

ACPWATLLEG DVALKGETSA K

381

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 442:

- 5 (A) LÄNGE: 43 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 442:

20 DHHNKLSLQS QTYIILLSVN GEKISPYVLW VKCCNRLGLS NLP

43

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 443:

- 25 (A) LÄNGE: 45 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 443:

40 MVISIFPPLL YKLIFTHLLL YKLTFINTNK RLVLSQFICH EPRNN

45

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 444:

- 45 (A) LÄNGE: 40 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja



(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 444:

GKPKNCCDFF QGKLDNPNLL QHFTHKTYGL IFSPLTDSSI

40

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 445:

(A) LÄNGE: 78 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 445:

GVGGGALRSA ALPWRTLPIT STCSRCTKPS TAEMEHLVQS WCLLNILMLQ THDFKWPLQR60  
RSVNKSWNPL MMKCLQLI

78

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 446:

(A) LÄNGE: 125 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 446:

RLRRRGWRSP FGGAPMAHIT INQYLQQVYE AIDSRDGASC AELVSFKHPH VANPRLQMAS 60  
PEEKCCQQVLE PPYDEMFAAH LRCTYAVGNH DFIEAYKCQT VIVQSFLRAF QAHKEENWAL120  
LSCMQ

125

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 447:

- 5 (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 447:

20 MSCKHFIIRG FQDLLTLLW RGHLKSWVCN MRMFKRHQLC TRCSISAVDG FVHLLQVLVN60  
GNVRHGSAAE RRAPPPTPQA 80

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 448:

- 25 (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 448:

40 RSRGFSCVQT PCHFREVTA CVISLWQQVG GLPQGRRWPE MCFRSLTHHS LHTRREHHSW60  
SILRMEI 67

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 449:

- 45 (A) LÄNGE: 60 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 449:

PITPYTHDVN TTPGAFSEWR FEFHVAASHT QTCHHSPHTH SRHSTAMSQK KFLVSDLKVL60

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 450:

(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 450:

RATSGRSGFI KPSNLKQGTS FGSWLLNVVS GCVGNDGRFV CEKLPHGIQI SILRMLQEW60  
SRRVCRE 67

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 451:

(A) LÄNGE: 111 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 451:

SASHPESRLC RGGADMQAPR GTLVFALVIA LVPVGREPSS QGSQSALQTY ELGSENVKVP 60  
150 IFEEDTPSVM EIEMEELDKW MNSMNRNADF ECLPTLKEEK ESNHNPSDSE S 111

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 452:

- (A) LÄNGE: 51 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 452:

EEWALEETAK GSCVYVDLKL IKFVSSSSSV GSLSRLPQGL LLENMSAIQ V

51

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 453:

20

- (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 453:

FDSFSSFKVG KHSKSAFLEM LFIHLSSSSI SISITEGVSS SKIGTFTFSL PSSYVCKAL 59

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 454:

40

- (A) LÄNGE: 107 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 454:

5    PITTCSLGDG GKDKYTCTHR GRERCVRQIC INILFSPHDM RSQCCMMKRW YDSTYVPIVL 60  
      LFLYFLFRSF TIGRFQKHSF HHHLEMVCLN GDNSRSCSIS SRHGLLI                    107

**(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 455:**

10 (A) LÄNGE: 73 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) **HYPOTHETISCH: ja**

20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 455:

25 RRGVSFLLSR QKWYHYVAAL QSPRARSLEN HLLSRFFFFL RVGVSLLCCPK TRPGNCWGA60  
GIAPVPOASR VGR 73

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 456:

35 (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) **HYPOTHETISCH: ja**

40

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 456:

SWGNIVRLLP SKKKKNAKEG DSLESELWEI GERQHNDTIS AYLEGKKLLS FSCMVTVISS60  
RKDISKE 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 457:

(A) LÄNGE: 81 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein

- (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 457:

15 DQPSLPFIRH KTLNLTSMAT KIIGSPETKW IDATSGIYNS EKSSNLSVTT DFSESLOSSN60  
IESKEINGIH DESNAFESKA S 81

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 458:

- 20 (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 30 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 458:

35 QLISPKAFRV LILNPKKSME FMMKAMLLNQ KHLESIFFEK P 41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 459:

- 40 (A) LÄNGE: 36 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 50 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 459:

IPEVASIHFV SGEPILVAI LVRLRVLCRI NGREGW

36

## 5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 460:

(A) LÄNGE: 36 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 460:

NSEGFRRNQL LQIDLKIFLS CKFQKLHQST LFQVNL

36

## 25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 461:

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 461:

GRRNDQLNLH IPQAGPFAGP YRLGWPLLSS GIRLPDWLVL HVSILKLVIP WPPPGENQPH60  
PASWGQWGRD FGLSEQLLEA AHD

83

45

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 462:

(A) LÄNGE: 93 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 462:

RRKASIIAFK GILLTLTQGV QSAREPILIS SSKMFLEENP WNVLKDVSGV RSSMWLAKGH60  
LYLFQLEFIN SCSLVSLGAE VWHIFKPVHS RIQ 93

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 463:

(A) LÄNGE: 96 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 463:

TLNPHKTLISA KKRARVIFFCI QDSTANLVFC YKNLVSHFLL KRTRITGTHP QLHETPSFLN60  
EHESIYVHPS THMKMLCSST GMDGIRIKPI WKLKYF 96

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 464:

(A) LÄNGE: 76 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 464:

NLFTMKFLPE FSPFDTNSMH VSTFETQPNV ISVKSSLSLP SSNLPSPRVY LPFCAHLSYS60



SMLFYNCDSP GSLGAI

76

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 465:

- 5 (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 465:

20

NQRMIEIYSN TKTERKCHST LKAANTIDHF IWLPDSQESH NCKITCYCNS NVHKMAGKL 59

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 466:

- 25 (A) LÄNGE: 40 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 466:

40

HATVTQMCTK WQVNSRRRQI TAWKTQGRFY RNDIWL SLEG

40

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 467:

- 45 (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 467:

IPLQRFSLLT SLFFVLKLDL LVVHASLSLV TVNNLPTSSN Q

41

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 468:

(A) LÄNGE: 65 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 468:

LSKAIYFCKK AAACINHDHS STLNKERKRF LSLTQSLPLC HSPRGWGWA HSKLTRLAIC60  
EYFSK

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 469:

(A) LÄNGE: 56 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 469:

PDWLFVNTFP NKEGKGDVSY SGGKCSFSGK NGCRVGNQGS RCELLIRTGG KVVHSN

56

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 470:

(A) LÄNGE: 109 Aminosäuren

- (B) TYP: Prot in
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 470:

15

ARPAPAGREG RGEGEATSRR CGVGHRAGPR EPAPHGAAV RPTPGPHHC AALSGAENYR 60  
SRHAMKLASA LRRGPALHPL PPRANRGREP WRRHRPRGW AAASRTWRS 109

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 471:

20

- (A) LÄNGE: 399 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 471:

AAGACGARGS GRRGSYVPEV RCGAPGGAAG TGAPRSCCCQ TNP GPPSSLR RAFRRREL PF 60  
PACHEIGLGA EAGSGPPPAP AARESRSRAM EEEASSPGLG CSKPHLEKLT LGITRILESS120  
PGVTEVTIIE KPPAERHMIS SWEQKNNCVM PEDVKNFYLM TNGFHM TWSV KLDEHI IPLG180  
40 SMAINSISKL TQLTQSSMYS LPNAPTLADL EDDTHEASDD QPEKPHFDSR SVIFELDSCN240  
GSGKVCLVYK SGKPALAEDT EIWFLDRALY WHFLTDTFTA YYRLLITHLG LPQWQYAFTS300  
YGISPQAKQW FSKYKPITYN TNLLTEETDS FVNKLDP SKV FSKSNKIVIP KKKGPVQ PAG360  
GQKGPSGPSG PSTSSTSKSS SGSGETPPGK LRHPSFQFA 399

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 472:

- (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- 50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 472:

10 RSAGGFSMMV TSVTPGEDSR MRVMPRVSFS RCGLLQPSPG DDASSSMARD RDSRAAGAGG60  
GPD PASAPRP ISWHAGNGSS RRLKARRSDD GG PGLV 96

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 473:

15 (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 473:

30 KYVSHANISI YKWRTLTL LLS FSYKIPNFVI ILSGITLYCK NASYFTFKFD NVCDEL 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 474:

35 (A) LÄNGE: 37 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 474:

50 WIFRVCCISR EIHFYILFY KHLDKGHLTH FKKHKCI 37

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 475:

- (A) LÄNGE: 33 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 475:

PKGLSIKVRRL NLDTRRKRCR LLNFIIHHIH CQI

33

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 476:

- (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 476:

HIKIEFFGQN FWEAMHPTWA DIQPELFSRG EWYWQFMAEI HSDWLESMLY QLLNLSITL60  
AYCYYYISSI YRQKGHFRNI

80

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 477:

- (A) LÄNGE: 48 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 477:

SSLGKTFGKQ CILHGLIFSL SCSQEESGTG SLWLKSILIG WSLCYTSC

48

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 478:

(A) LÄNGE: 70 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 478:

EQLRLNISPC RMHCFPKVLP KELYFYVLSH RTGEKCSGHC WDLIFLGMGS GLMILATGVQ60  
ENGSPGSDSW 70

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 479:

(A) LÄNGE: 400 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

35 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 479:

50 PQQTPWAVAG RWCNGPSLHR NRAGLDLPTI DTGYDSQPQD VLGIRQLERP LPLTSVCYPQ 60  
DLPRPLRSRE FPQFEPQRYP ACAQMLPPNL SPHAPWNYHY HCPGSPDHQV PYGHDYPRAA120  
YQQVIQPALP GQPLPGASVR GLHPVQKVIL NYSPWDQEE RPAQRDCSFP GLPRHQDQPH180  
HQPPNRAGAP GESLECPAEL RPQVPQPPSP AAVPRPPSNP PARGLKTSN LPEELRKVFI240  
TYSMDTAMEV VKFVNFLLVN GFQTAIDIFE DRIRGIDIK WMERYLRDKT VMIIVAISP300  
YKQDVEGAES QLDEDEHGLH TKYIHRMMQI EFIKQGS MNF RFIPVLF PNA KKEHVPTWLQ360

NTHVYSWPKN KKNILLRLLR EEEYVAPPRG PLPTLQVVPL

400

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 480:

- 5 (A) LÄNGE: 225 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 480:

20 SSSGWRVARG SRHSSWGRRL GNLWSQLCRA LQGLPRSTSS IRWLVMWLVL VPWKPRKGAV 60  
SLCGPLFLVP GAGIIQDNLL HRVQASHTGS RQGLPRQSRL DHLLVGCSRV VMAIWHLVIG120  
TSRTMVMIVP WSMWGKIGRQ HLCTCWIPLR FKLRELPGPE RSGEVLGVTH GGEGQGPFQL180  
PDAQDILGLG IISRVYGWQI QACSVPVQAG AVAPSPCYRP RSLLR 225

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 481:

- (A) LÄNGE: 125 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
30 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 481:

45 KQRMQSSHRL HFKARVCGGL RGRALHNRFP GGQRASRGGT EKNQPGVLPT SLSQNAVRTR 60  
PQTWPLGLSDL GMNGVTREPP EGWAEAPVEE PHTLPLSAAA AGCFFYSWAS CRHECSEARW120  
AHAPS 125

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 482:

- 50 (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 482:

VAMTAKDCSI MIALSPCLQD ASSDQRPVVP SSRSRFAFSV SVLDLCLKPY ESIPHQYKLD60  
GKIVNYYSKT VRAKDNVMS TRFKESEDCT LVLHKV 96

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 483:

(A) LÄNGE: 66 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 483:

LHCLPVCRRMP ALIKGLWSLH RGPGLFPFCL CWTLTSSPTR AFPISINWTA RSSTIIQRLY60  
VPKTTT 66

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 484:

(A) LÄNGE: 109 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 484:



NKAFRIRES D MSPGWERRTI QNVFPGLNGH FHFKSVSSFL GHSTHFLHSL SRKLFLVLFN 60  
SMSPRGNPTS KGVKSKNIHN QRSPTTNI SIIQPSHYVQ VSKTLQGKS 109

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 485:

5

- (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 485:

CSSIPCLQEA IPPQKGLKAK TFTTKGHPTQ QKISLSFSLH IMFKFQRHCR ERVRPCGELM60  
CNLRFP 66

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 486:

- (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 486:

ARPAPAGREG RGEGEATSR R CGVGH RAGPR EPAPHGAAAV RPTPGPHHHC AALSGAENYR 60  
SRHAMKLASA LRRGPALHPL PPRANRGREP WRRRHRPRGW AAASRTWRS 109

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 487:

- (A) LÄNGE: 389 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 487:

AAGACGARGS GRRGSYVPEV RCGAPGGAAG TGAPRSCCCQ TNPGPPSSLR RAFRRRELPF 60  
PACHEIGLGA EAGSGPPPAP AARESRRAM EEEASSPGLG CSKPHLEKLT LGITRILESS120  
PGVTEVTIIE KPPAERHMIS SWEQKNNCVM PEDVKNFYLM TNGFHMTWSV KLDEHIIPLG180  
15 SMAINSISKL TQLTQSSMYS LPNAPTLADL EDDTHEASDD QPEKPHFDSR SVIFELDSCN240  
GSGKVCLVYK SGKPALAEDT EIWFLDRALY WHFLTDTFTA YYRLLITHLG LPQWQYAFTS300  
YGISPQAKQW FSMYKPITYN TNLLTEETDS FVNKLDP SKV FSKSNKIVIP KKKGPVQPAG360  
GQKGPSPSG PSTSSTSKSS SGSGNPTRK 389

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 488:

(A) LÄNGE: 96 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

25

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 488:

RSAGGFMMV TSVTPGEDSR MRVMRVSFS RCGLLQPSPG DDASSMARD RDSRAAGAGG60  
40 GPDPASAPRP ISWHAGNGSS RRLKARRSDD GGPGLV 96

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 489:

45

(A) LÄNGE: 152 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 489:

LAAGRGKEEE MGFEDHGLPF LPLTHHTPPF PLSLSPLPKK KKKETFIMNQ QGFSPYQREM 60  
WKELKKPPFV PNSTLPIFYA TQTLSEFWVPF LQMDLLRRII VFHVFPQVT KINICIYNLY120  
YCYIFVDNTF RWCWVIYYNL NLGISFGLPQ SC 152

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 490:

15 (A) LÄNGE: 91 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 490:

30 GPWLTFPAFD PSHPISSSFP LPAAKKKKKG NVYHESTGFQ SLSKRDVERA KETTLCSQLH60  
FTHILCNTNT VLLGPFLTDG PLEKNYRIPR F 91

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 491:

40 (A) LÄNGE: 64 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 491:

KWGTQRAGNF HYPILGLNLK EYIHYQELST KAGVKLHYTW LFTIPGSPQ HDCGRPKDIP60  
RFRL 64

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 492:

5

- (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 492:

RFTASRVGNE PDINTPSSMP CPPSGPVPVK AGSHFSHPQA VPKALEEPKE RQEPSWELTL60  
MTRGQLAQFP LFSWGEGTL 79

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 493:

- (A) LÄNGE: 100 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 493:

KSSPDPARHY GSPPEGERRG KRSVPKVNPR SLGPTSLPTA TSHQPHARAR PFPLQLTAQQ 60  
45 MLGQNASPHL TKGLQPAGWE MNQILTPPPP CPAHLLGQYQ 100

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 494:

50

- (A) LÄNGE: 82 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 494:

KGSLPPTKQG KLGQLAPGHQ GQLPTWLLPF LGFFQGFNGS LGVGEVASCL HWYWPRRWAG60  
HGGGGVNIWF ISHPAGCKPL VK 82

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 495:

(A) LÄNGE: 79 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 495:

35

RVPSPQLNKG NWANWPLVIK VNSQLGSCLS LGSSRALGTA WGWEKWLPAP TGTGPEGGQG60  
MEEGVLISSG FPTLLAVNL 79

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 496:

40

(A) LÄNGE: 88 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 496:

IQKVQYYTSP AAFVNGSLHS HWGTTVCMGR NSKCPHCGHW VGS AFCQGV C RNWLISVCQS60  
DQHTKVS AIK NVASLHPPSC YSGPSNLM 88

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 497:

(A) LÄNGE: 98 Aminosäuren

10

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 497:

SHTSEKRRGT REEVTPASRS SISGVKRGTV ALPSWLRMRK SFLQWEEIHF SIPVQSDFMG60  
PVLNSDCIIN TIKRDSEMG S RIHWDNSKAY NTALMDPT 98

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 498:

30

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 498:

45

AGYTPVSSTI RQLHQITGPR VTGWRMQGSH ILYGRDFGVL ITLAYRNKPI PADSLTKGTP60  
HPMTTMRALA VSAHAHSCTP MAV 83

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 499:

(A) LÄNGE: 85 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 499:

15 GKICEYVNFL SLRDDRMFPY FSCKENNILT YTSCRKYHLF PLYYSTMFTL LYCQAESIKN60  
VHIHFELCIL FLKKGAGLWH WAGHD 85

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 500:

(A) LÄNGE: 98 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 500:

SYRLKGIGKC VFSRDHVESE QCWQTLPRKS CFSRCPCFGI SFLGRKKKSS LTIVNSISYF60  
SFCCSNGFPP TIIPSIYVLL YSPLSPVTFL SNTFFPKF 98

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 501:

(A) LÄNGE: 87 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 501:

5

VSSCTSNHGV RSSLSSGEHK CTERDVL RVT TKELPSLSLT QAMCTCDAAE CAGVGGGHVA60  
PPEHFLTGKL GDPLLNVFVE IRTVSFT 87

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 502:

(A) LÄNGE: 53 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 502:

TPKTLGCLLV SRVEQAQRES LGPELKEFIE PWQTGSKQPI LAAVLRRECG GQI 53

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 503:

(A) LÄNGE: 91 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

35

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 503:

PSGPFSSLES TLLQVQAA IASFLSDCNS PIRFPCFYIC PPHSLNTAA RMGCLLPVCH60  
50 GSINSLSSGP KDSRWACSTR DTSRQPSVLG V 91

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 504:



- (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 504:

VFIIYDSLIIIP TSISSVHTVC QMFHAEPVSR ILLSDYGGFT TRPGSNLSLGS KVGHSSMHR 59

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 505:

- (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 505:

DRKEFWNQKID PVFSYIQSST SEFLFLNIGV LALFLKDALY LKRKLDERTG CGAVKYFRPR60  
SVYTFYRRNE VL 72

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 506:

- (A) LÄNGE: 102 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 506:

SILGPGLCTH FIEEMKYSEV FWLPFHFCNV LNLSDHYYIV LLGAVVSFIK PLACVQKFLK 60  
GNTSNAYPLL ACYAACTAI AVCFTVFVKI PLSFLVTGK AC 102

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 507:

(A) LÄNGE: 68 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
15 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 507:

30 NNEHKMLFII TSICEISYCK TTTGLLLSL VIVFRLEMP TLVINITYN VFLGRHFIKC60  
IMPWLLLR 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 508:

35 (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 508:

50

LKFLQVLKFF FYSLHWIYVF LIPNMFNWDV CHSRAARQTF KSNSHTAELA FLLTQKFRKL60  
TVTVT 65

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 509:

- 5 (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 509:

20 GPRAHWPLPN TMLEPKRANM GPEYNGDIFM FQPFNLTCLL LSFPPISNL FCLTIYYLLG60  
ITSSYRIPSS LMSCPQY 78

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 510:

- (A) LÄNGE: 63 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 510:

SLKLLGFLDV ENTPCARHSI LYGSLGSVVA GFGHFLTSE YLYFLFLYVL KKAFLYIMNY60  
45 FFF 63

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 511:

- 50 (A) LÄNGE: 53 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 511:

SFVKWSPNLK LGNYEEKIA RYLLRSACRS AVGLVTIGSK VLLQWQILWP LSG

53

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 512:

(A) LÄNGE: 43 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 512:

ICCRACHHWK QGPTSVADLV AFEWLKTTTL HRAGAMHRHP SLP

43

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 513:

(A) LÄNGE: 37 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 513:

QALQQIYRQT LTDTGQFSLR RNFLVLSWVT ILQNFTT

37

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 514:

5

- (A) LÄNGE: 228 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 514:

TGGARARRPL SAVARPARSS DPLRSAPLGP APPVNMIRCG LACERCRWIL PLLLLSAIAF 60  
DIALAGRGW LQSSDHGQTS SLWWKCSQEG GGSGSYEEGC QSLMEYAWGR AAAAMLFCGF120  
IILVICFILS FFALCGPQML VFLRVIGLL ALAAVFQIIS LVIYPVKYTQ TFTLHANRAV180  
25 TYIYNWAYGF GWAATIILIG CAFFFCCLPN YEDDLLGNAK PRYFYTSA 228

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 515:

30

- (A) LÄNGE: 94 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 515:

45

DPLPPPSWEH FHHSEDVWPW SLDCNQPRPA SAMMSKAMAL SRSRGRIQRQ RSQARPQRIM60  
LTGGAGPSGA ERSGSEERAG RATAESGLRA RAPP 94

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 516:

- (A) LÄNGE: 208 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 516:

15 TLPKNGFKVA WRNSFFFWSP SQQQRFSPTE IPKLGRCEV PGLGIAQKVI FVVGEAEEEE 60  
GTADQDNRG PPKAVGPVID VSDSTVGMKG EGLGVLHGVN YQGDDLEHSS QGKETSNSHSQ120  
EDKHLGSTEG EGEDETDHQ DDEATEEHGS RCSTPRVLHE ALTALLVGPA AAALLGAFPP180  
QRGRLAVVAR LQPAAAGQRD DVEGDGAE 208

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 517:

(A) LÄNGE: 204 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 517:

40 PSCPPEMKKE LPVDSCIPRS LELHPQKMDP KRQHIQLLSS LTECLTVDPL SASVWRQLYP 60  
KHLSSQSSLL EHLSSWEQI PPKVQKSLQE TIQSLKLTNQ ELLRKGSSNN QDVVTCDMAC120  
KGLLQOVQGP RLPWTRLLLL LLVFAVGFLC HDLRSHSSFQ ASLTGRLLRS SGFLPASQQA180  
CSKFTPTVCK VTGWLGEKCR FGVP 204

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 518:

45

(A) LÄNGE: 90 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 518:

PEVMAQEAYS EDQQQQEEPR PGQPRTLNLL QQALAGHVTG DDILVVTATL PQQLLVGKLE60  
GLNGFLQRL L YLLGNLLPGA EQVLQKAGL 90

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 519:

15 (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF  
(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 519:

30

GTPKRHFSPN QPVTLQTVGV NLEHACWLAG KKPDDRSNRP VREAWKELCD RRSWHRKPTA60  
KTSSNRRSRV QGSRGP 76

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 520:

40 (A) LÄNGE: 355 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 520:

FRHSMNGCEK DSSSTDSANE KPALIPREKK ISILEEPSKA LRGVTGPNIE KSVKDLQRCT 60

VSLTRYRVMI KEEVDSSVKK IKAFAELHN CIIDKEVSLM AEMDKVKEEA MEILTARQKK120  
AEELKRLTDL ASQMAEMQLA ELRAEIKHFV SERKYDEELG KAARFSCDIE QLKAQIMLCG180  
EITHPKNNYS SRTPCSSLLP LLNAHAATSG QOSNFSRKSS THNKPSEGKA ANPKMVSSLP240  
STADPSHQT PANKQNGSSN QRRRFNPQYH NNRLNGPAKS QGSGNEAEPL GKGNSRHEHR300  
5 RQPHNGFRPK NKGAKNQEALSGMKTPEAP AHSEKPRRRQ ARCRTPREGQ GPFRG 355

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 521:

- 10 (A) LÄNGE: 120 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- 15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF  
(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

- 25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 521:

NQNVKNRGTO KKCLPSVEKL PNPPWGQKNA TVKTPNRKLT PERPLALPRC PAACLPSPGL 60  
FRMGRGLGGL HPQGSLLIFG TAFVFGPEAV VRLSSVFVAA VALSQWLGF I PTALRLGRPI120

- 30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 522:

- 35 (A) LÄNGE: 116 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF  
40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

- 45 :  
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 522:

RAVRISMASS LTLISIAINE TSLMMQLCN SAKAALIFFT ELSTSSLIMT RYLVRETVQR 60  
50 CKSFTDFSIF GPVTPRSafe GSSSIEIFFS RGIRAGFSLA ESVDLSFSQ PFMLCR 116

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 523:  
55



- (A) LÄNGE: 130 Aminosäuren
- (B) TYP: Prot in
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 523:

```
RRQRKAEPGA CALGRVGSEC IPEPGARRTA QAAGLRVSG AANTKVRELK HFRFLGLLRS 60
CRSEMEVDAP GVDGRDGLRE RRGFSEGG RQ NFDVRPQSGA NGLPKHSYWL DLWLFILFDV120
VVFLFVYFLP                                     130
```

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 524:

25

- (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 524:

40

```
ISANKSWQKI HKEKHHHIEK DEKPEVQPVG VFGKPICPRL RPHIEVLPPS LAKASPLPET60
ISTINTRCVH LHLAPAAS                                     78
```

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 525:

- (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 525:

10 GLTSKFCLPP SLKPRRSRRP SRPSTPGAST SISLLQLRNN PRNRKCLSSR TLVFAAPETE60  
RSPAACAVRR APGSGMHSEP TLPSAQAPGS AFRCL 95

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 526:

(A) LÄNGE: 112 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 526:

35 SLNSTFSVLP QKFPQFQQHR AVYNSFSFPG QAARYPWMAF PRNSIMHLNH TANPTSNSNF 60  
LDLNLPPQHN TGLGGIPVAG EEVVKVSTMP LSTSSHSLQQ GQOPTSLHTT VA 112

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 527:

40 (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 527:

RFRPCHCQPL PIHYNKDSSL QVSTLLWPDN RTERRGLDSG VLAWATGFLH DSFMILLMY60  
TPRRANINVP HA 72

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 528:

- 10 (A) LÄNGE: 102 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- 15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF  
(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 528:

25 RNHAKIQ LPM QAPQSLILSS QFCCQATVVW RLVGCCPCCN EWEEVD SG MV ETFTSSSPAT 60  
GIPPRPVLCC GGRFKSKLL FEVGFAVWFK CMMLLRGKAI QG 102

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 531:

30

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 1708 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
35 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

- 40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- 45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 531

CCTGGAAACA AGATCCAAAC CCAAGTGACC CCGCCGGAAA GTGACCCAGT CAGGTTTAAA 60  
AATCCAACA AACCGACGTG AACAAATAGA CCGACCAACC AAATATACAA TCCGTCAAAA 120

```

TACATTCACT TCCACTACGA AACCCCAACA AAGGGTGTGA ATGCCCGCCC AGGAGAGACG 180
GTTTTGGTTC CATCAAGTGT GTGGATCGTG ATGTTCGTAT GTTCTCCAC TTCAGTGAAA 240
TTCTGGATGG GAACCAGCTC CATATTGCAG ATGAAGTAGA GTTACTGTG GTTCCTGATA 300
TGCTCTCTGC TCAAAGAAAT CATGCTATTA GGATTAAAAA ACTTCCCAAG GGCACGGTTT 360
5 CATTTCATT CCATTCAGAT CACCGTTTTT TGGGCACGGT AGAAAAAGAA GCCACTTTTT 420
CCAATCCTAA AACCCTAGC CCAAATAAAG GCAAAGAGAA GGAGGCTGAG GATGGCATT 480
TTGCTTATGA TGACTGTGGG GTGAAACTGA CTATTGCTTT TCAAGCCAAG GATGTGGAAG 540
GATCTACTTC TCCTCAAATA GGAGATAAGG TTGAATTTAG TATTAGTGAC AAACAGAGGC 600
CTGGACAGCA GGTTGCAACT TGTGTGCGAC TTTTAGGTCG TAATTCTAAC TCCAAGAGGC 660
10 TCTTGGGTTA TGTGGCAACT CTGAAGGATA ATTTTGGATT TATTGAAACA GCCAATCATG 720
ATAAGGAAAT CTTTTTCCAT TACAGTGAGT TCTCTGGTGA TGTGATAGC CTGGAAGTGG 780
GGGACATGGT CGAGTATAGC TTGTCCAAAG GCAAAGGCAA CAAAGTCAGT GCAGAAAAAG 840
TGAACAAAAC ACACTCAGTG AATGGCATT  CTGAGGAAGC TGATCCACC ATTTACTCTG 900
GCAAAGTAAT TCGCCCCCTG AGGAGTGTTG ATCCAACACA GACTGAGTAC CAAGGAATGA 960
15 TTGAGATTGT GGAGGAGGGC GATATGAAAG GTGAGGTCTA TCCATTTGGC ATCGTTGGGA1020
TGGCCAACAA AGGGGATTGC CTGCAGAAAG GGGAGAGCGT CAAGTTCCAA TTGTGTGTCC1080
TGGGCCAAAA TGCACAAACT ATGCTTACA ACATCACACC CCTGCGCAGG GCCACAGTGG1140
AATGTGTGAA AGATCAGTTT GGCTTCATTA ACTATGAAGT AGGAGATAGC AAGAAGCTCT1200
TTTTCCATGT GAAAGAAGTT CAGGATGGCA TTGAGCTACA GGCAGGAGAT GAGGTGGAGT1260
20 TCTCAGTGAT TCTTAATCAG CGCACTGGCA AGTGCAGCGC CTGTAATGTT TGGCGAGTCT1320
GTGAGGGCCC CAAGGCTGTT GCAGCTCCTC GACCTGATCG GTTGGTCAAT CGCTTGAAGA1380
ATATCACTCT GGATGATGCC AGTGCTCCTC GCCTAATGGT TCTTCGTCAG CCAAGGGGAC1440
CAGATAACTC AATGGGGTTT GGTGCAGAAA GAAAGATCCG TCAAGCTGGT GTCATTGACT1500
AACCACATCC ACAAAACACA CCATTAATCC ACTATGATCA AGTTGGGGGG AATCTGGTGA1560
25 AGGGTTCTGA ATATCTCCCT CTTTCATCCCT CCCGAAATCT GGAATACTTA TTCTATTGAG1620
CTATTACACC AGTTTTAACA CCTTCCTCGT GTTATGTTTA AAAAAATAAA TAAATTTAAG1680
AAAACCATTT TAAATAATGA AAAGTTGG 1708

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 532:

30

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2128 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

35

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 532

```

CTGTATCCTA ATTTCTTGGT GAATGAACTC ATTCTTAAAC AGAAGCAAAG ATTTGAGGAA 60
AAGAGGTTCA AATTGGACCA CTCAGTGAGT AGCACCAATG GCCACAGGTG GCAGATATTT 120
55 CAAGATTGGT TGGGAACTGA CCAAGATAAC CTTGATTTGG CCAATGTCAA TCTTATGTTG 180
GAGTTACTAG TGCAGAAGAA GAAACAACCTG GAAGCAGAAT CACATGCAGC CCAACTACAG 240
ATTCTTATGG AATTCCCTCAA GGTGCAAGA AGAAATAAGA GAGAGCAACT GGAACAGATC 300
CAGAAGGAGC TAAGTGTTTT GGAAGAGGAT ATTAAGAGAG TGAAGAAAT GAGTGGCTTA 360

```

```

TACTCTCCTG TCAGTGAGGA TAGCACAGTG CCTCAATTTG AAGCTCCTTC TCCATCACAC 420
AGTAGTATTA TTGATTCCAC AGAATACAGC CAACCTCCAG GTTTCAGTGG CAGTTCTCAG 480
ACAAAGAAAC AGCCTTGGTA TAATAGCACG TTAGCATCAA GACGAAAACG ACTTACTGCT 540
CATTTTGAAG ACTTGGAGCA GTGTTACTTT TCTACAAGGA TGTCTCGTAT CTCAGATGAC 600
5 AGTCGAACTG CAAGCCAGTT GGATGAATTT CAGGAATGCT TGTCCAAGTT TACTCGATAT 660
AATTCAGTAC GACCTTTAGC CACATTGTCA TATGCTAGTG ATCTCTATAA TGGTTCCAGT 720
ATAGTCTCTA GTATTGAATT TGACCGGGAT TGTGACTATT TTGCGATTGC TGGAGTTACA 780
AAGAAGATTA AAGTCTATGA ATATGACACT GTCATCCAGG ATGCAGTGGA TATTCATTAC 840
CCTGAGAATG AAATGACCTG CAATTCGAAA ATCAGCTGTA TCAGTTGGAG TAGTTACCAT 900
10 AAGAACCTGT TAGCTAGCAG TGATTATGAA GGCACGTGTA TTTTATGGGA TGGATTACACA 960
GGACAGAGGT CAAAGGTCTA TCAGGAGCAT GAGAAGAGGT GTTGGAGTGT TGACTTTAAT1020
TTGATGGATC CTAAACTCTT GGCTTCAGGT TCTGATGATG CAAAAGTGAA GCTGTGGTCT1080
ACCAATCTAG ACAACTCAGT GGCAAGCATT GAGGCAAAGG CTAATGTGTG CTGTGTTAA1140
TTCAGCCCCCT CTCAGATA CCATTTGGCT TTCGGCTGTG CAGATCACTG TGTCCACTAC1200
15 TATGATCTTC GTAACACTAA ACAGCCAATC ATGGTATTCA AAGGACACCG TAAAGCAGTC1260
TCTTATGCAA AGTTTGTGAG TGGTGAGGAA ATTGTCTCTG CCTCAACAGA CAGTCAGCTA1320
AACTGTGGA ATGTAGGGAA ACCATACTGC CTACGTTCCT TCAAGGGTCA TATCAATGAA1380
AAAAACTTTG TAGGCCTGGC TTCCAATGGA GATTATATAG CTTGTGGAAG TGAATAAAC1440
TCTCTCTACC TGACTATAA AGGACTTTCT AAGACTTTGC TAACTTTTAA GTTTGATACA1500
20 GTCAAAAGTG TTCTCGACAA AGACCGAAAA GAAGATGATA CAAATGAATT TGTTAGTGCT1560
GTGTGCTGGA GGGCACTACC AGATGGGGAG TCCAATGTGC TGATTGCTGC TAACAGTCAG1620
GGTACAATTA AGGTGCTAGA ATTGGTATGA AGGGTTAACT CAAGTCAAAT TGTACTTGAT1680
CCTGCTGAAA TACATCTGCA GCTGACAATG AGAGAAGAAA CAGAAAATGT CATGTGATGT1740
CTCTCCCCAA AGTCATCATG GGTTTTGGAT TTGTTTTGAA TATTTTTTTC TTTTTTCTT1800
25 TTCCCTCCTT TATGACCTTT GGGACATTGG GAATACCCAG CCAACTCTCC ACCATCAATG1860
TAACTCCATG GACATTGCTG CTCTTGGTGG TGTTATCTAA TTTTGTGAT AGGGAAACAA1920
ATTCTTTTGA ATAAAAATAA ATAACAAAC AATAAAAGTT TATTGAGCCA CAAAAAAA1980
AAAAAATAA AAAAAAATAA ACAAAGAGA AAACAAAGGT TACGAAGTAG CATATGTGAA2040
CTATAATGTA ACAGTGAATA ATTTGTAAAG TTCGTATTTC CCAACCTCTT TGGGAATTAC2100
30 ACATATCAAT ATAAACAAA TATAAAGT 2128

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 533:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 35 (A) LÄNGE: 2640 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:
- 50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 533

```

55 CTAGCAAGCA GGTAACGAG CTTTGTACAA ACACACACAG ACCAACACAT CCGGGGATGG 60
CTGTGTGTTG CTAGAGCAGA GGCTGATTAA AACTCAGTG TGTTGGCTCT CTGTGCCACT 120
CCTGGAAAAT AATGAATTGG GTAAGGAACA GTTAATAAGA AAATGTGCCT TGCTAACTGT 180

```

```

GCACATTACA ACAAAGAGCT GGCAGCTCCT GAAGGAAAAG GGCTTGTGCC GCTGCCGTTT 240
AAACTTGTCA GTCAACTCAT GCCAGCAGCC TCAGCGTCTG CCTCCCAGC ACACCCTCAT 300
TACATGTGTC TGTCTGGCCT GATCTGTGCA TCTGCTCGGA GACGCTCCTG ACAAGTCGGG 360
AATTTCTCTA TTTCTCCACT GGTGCAAAGA GCGGATTCTT CCTTGCTTCT CTTCTGTCAC 420
5 CCCCCTCCT CTCCCCAGG AGGCTCCTTG ATTTATGGTA GCTTTGGACT TGCTTCCCCG 480
TCTGACTGTC CTTGACTTCT AGAATGGAAG AAGCTGAGCT GGTGAAGGGA AGACTCCAGG 540
CCATCACAGA TAAAAGAAAA ATACAGGAAG AAATCTCACA GAAGCGTCTG AAAATAGAGG 600
AAGACAACT AAAGCACCAG CATTGAAGA AAAAGGCCTT GAGGGAGAAA TGGCTTCTAG 660
ATGGAATCAG CAGCGGAAAA GAACAGGAAG AGATGAAGAA GCAAAATCAA CAAGACCAGC 720
10 ACCAGATCCA GGTTCATGAA CAAAGTATCC TCAGGCTTGA GAAAGAGATC CAAGATCTTG 780
AAAAAGCTGA ACTGCAAATC TCAACGAAGG AAGAGGCCAT TTAAAGAAA CTAAAGTCAA 840
TTGAGCGGAC AACAGAAGAC ATTATAAGAT CTGTGAAAGT GGAAAGAGAA GAAAGAGCAG 900
AAGACTCAAT TGAGGACATC TATGCTAATA TCCCTGACCT TCCAAAGTCC TACATCCCTT 960
CTAGGTAAAG GAAGGAGATA AATGAAGAAA AAGAAGATGA TGAACAAAAT AGGAAAGCTT1020
15 TATATGCCAT GGAAATTAAA GTTGAAGAAAG ACTTGAAGAC TGGAGAAAGT ACAGTTCTGT1080
CTTCCAATAC CTCTGGCCAT CAGATGACTT TAAAAGGTAC AGGAGTAAAA GTTTAAGATG1140
ATGGGCAAAA GTCCAGTGTA TTCAGTAAAG TGCTAATCAC AAGTTGGAGG TCAATGGCAC1200
CGATGGCCTG GCACCAGTTG AAGTAGAGGA ACTTCTAAGA CAAGCCTCAG AGAGAACTC1260
TAAATCCCCA ACAGAGTATC ATGAGCCTGT ATATGCCAAT CCCTTTTACA GGCCTACAAC1320
20 CCCACAGAGA GAAACGGTGA CCCCTGGACC AACCTTCAA GAAAGGATAA AGATTTAAAC1380
TAATGGACTG GGTATTGGTG TAAATGAATC CATACACAAT ATGGGCAATG GTCTTTTCAGA1440
GGAAAGGGGA AACAACCTCA ATCAGATCAG TCCCATTCCG CCAGTGCCTC ATCCCCGATC1500
AGTGATTCAA CAAGCAGAAG AGAAGCTTCA CACCCCGCAA AAAAGGCTAA TGACTCCTTG1560
GGAAGAATCG AATGTCATGC AGGACAAAGA TGCACCTCT CCAAAGCCAA GGCTGAGCCC1620
25 CAGAGAGACA ATATTTGGGA AATCTGAACA CCAGAATTCT TCACCCACTT GTCAGGAGGA1680
CGAGGAAGAT GTCAGATATA ATATCGTTCA TTCCCTGCCT CCAGACATAA ATGATACAGA1740
ACCGGTGACA ATGATTTTCA TGGGGTATCA GCAGGCAGAA GACAGTGAAG AAGATAAGAA1800
GTTTCTGACA GGATATGATG GGATCATCCA TGCTGAGCTG GTTGTGATTG ATGATGAGGA1860
GGAGGAGGAT GAAGGAGAAG CAGAGAAACC GTCCTACCAC CCCATAGCTC CCCATAGTCA1920
30 GGTGTACCAG CCAGCCAAAC CAACACCACT TCCTAGAAAA AGATCAGAAG CTAGTCCTCA1980
TGAAAACACA AATCATAAAT CCCCCACAA AAATTCCATA TCTCTGAAAG AGCAAGAAGA2040
AAGCTTAGGC AGCCCTGTCC ACCATTCCCC ATTTGATGCT CAGACAACTG GAGATGGGAC2100
TGAGGATCCA TCCTTAACAG CTTTAAGGAT GAGAATGGCA AAGCTGGGAA AAAAGGTGAT2160
CTAAGAGTTG TACCACCTAT ATAAACATCC TTTGAAGAAG AAATAAGAA GCATTGCAA2220
35 ATTTCTCTTC TGATATTTT GTTTATTTT TGTGAAGTCC AAAAAATTAT CATTACAGTG2280
TACCATATTA AGCCATGTGA ATAAGTAGTA GTCATTATTT GTGAAAAATT CCCAAAAGC2340
TGGGGAAC AAATGTGTAA CTTTCCAGT TACTTGACAC GATTGAGTG GGGAAAACCA2400
GCATTTTTTA TTCTATTGAT ACCAAAGCAT TTCTAATAAG AGCTTGTTAA ATTTAAGAAT2460
AAAGTTATTT AAAATATTCT GAGTATAGTA TATTAATCTG CATTGTAATT TTGATGATAC2520
40 AAAGATTGAA AGATCATAGG AAAGCATTGC CCTTCATCAC AGAAGTATTC AACTCTGACA2580
AATAAATATG TCATCCTGAA TTAATAATGC CTTAATAAAA GTACATCCTC CTGCTAAAAA2640

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 534:

- 45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 1245 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 55 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 534

10 TGCAGCGCGT GCGTGCTGCG CTACTGAGCA GCGCCATGGA GGA CTCTGAA GCACTGGGCT 60  
TCGAACACAT GGGCCTCGAT CCCC GGCTCC TTCAGGCTGT CACCGATCTG GGCTGGTTCGC 120  
GACCTACGCT GATCCAGGAG AAGGCCATCC CACTGGCCCT AGAAGGGAAG GACCTCCTGG 180  
CTCGGGGCCG CACGGGCTCC GGAAGACGG CCGCTTATGC TATTCCGATG CTGCAGCTGT 240  
TGCTCCATAG GAAGGCGACA GGTCCGGTGG TAGAACAGGC AGTGAGAGGC CTGTGTTCTTG 300  
TTCCTACCAA GGAGCTGGCA CGGCAAGCAC AGTCCATGAT TCAGCAGCTG GCTACCTACT 360  
GTGCTCGGGA TGTCCGAGTG GCCAATGTCT CAGCTGCTGA AGACTCAGTC TCTCAGAGAG 420  
15 CTGTGCTGAT GGAGAAGCCA GATGTGGTAG TAGGGACCCC ATCTCGCATA TTAAGCCACT 480  
TGCAAGCAAGA CAGCCTGAAA CTTCGTGACT CCCTGGAGCT TTTGGTGGTG GACGAAGCTG 540  
ACCTTCTTTT TTCCTTTGGC TTTGAAGAAG AGCTCAAGAG TCTCCTCTAG TCACTTGCCC 600  
CGGATTTACC AGGCTTTTCT CATGTCAGCT ACTTTTAACG AGGACGTACA AGCACTCAAG 660  
GAGCTGATAT TACATAACCC GGTTACCCTT AAGTTACAGG AGTCCCAGCT GCCTGGGCCA 720  
20 GACCAGTTAC AGCAGTTTCA GGTGGTCTGT GAGACTGAGG AAGACAAATT CCTCCTGCTG 780  
TATGCCCTGC TCAAGCTGTC ATTGATTCGG GGCAAGTCTC TGCTCTTTGT CAACACTCTA 840  
GAACGGAGTT ACCGGCTACG CCTGTCTTG TAGGAGTTCA GCATCCCCAC CTGTGTGCTC 900  
AATGGAGAGC TTCCACTGCG CTCCAGGTGC CACATCATCT CACAGTTCAA CCAAGGCTTC 960  
TACGACTGTG TCATAGCAAC TGATGCTGAA GTCTGGGGG CCCACGTCA ACGGGCAATG1020  
25 CGACCCCGGC GACGAGCCAA AACGGGGACA ATGGCCTCTC GATTCCTGGA ACGCACGGTC1080  
GTGGCCCTGG GGCAC TAGAC CTTCCACCAT CGTGTCTGCA TGTGCTCAAC TTTTGATCTT1140  
CCCCCCAAC CCCTGAGGCC TAACATCCAT CGAGCTTGGC AGGACAGCAA CGCGCTAACA1200  
ACCCAGGGCA TAGGTCTTAA CCTTTGGTGC TTTCCACGG AGGCG 1245

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 535:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 822 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

35 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 535

55 AAGATCGGTC TTTGTCCTTA TCCTTATCCT TATTCTAATG GCAGTTAGAT GCNNTTCTTT 60  
AGAGGGGGCA ATGAGACAGC CAGGTGGGAA GGGGTCCCCA GAGAACTCC AGCCTGCACA120  
CTGGGAGGAG TGTGCACTGG GGTGAAGCCA CCGGAAGTTT GCGCCATCTC CAGTGGGGAA180

GAGCCCAGCC CCTCCTCTTC CTGGGTGGGA AACTGCGATT CAAACTGCCA GGTGGGAAGT240  
CCATGGGCAG GAAACAGGCT CTCGNTTTGC TAAGAGTCTC TGTTTCCCCC TTTTTCCTT300  
TATGCCTAAT TAATAAATTC CATTTTCTC ACCCTTCAA CAGCCTGTGA GCCTAAATTT360  
TTGTGGCCAT GGGACAGACA AGGACCCCGT CTTCAAGCTGA ACTAAGGAGA AAGTCCCCAA420  
5 ACAATGGGAA GAAAGGCAGG GAGTAGACAT CCAATTTCCCT GGCCTGGATT GTGGAGGGGT480  
ACCATGGTTC TGACCAGATG TGTATCAGGA GCTGTGTTGC AGGAAGTCTC AGGAATGAAG540  
TTGATAGCTT TCTTTCCATC ACATGATGAC TGAAAAGACG AAGGCATCTA ATGAGTTAGA600  
GTCACACCAT CTCATGCCTG TATACTATCA AACAACCTTT GGGAAGCTAG CCTTGGTTGG660  
GAAAACATCA TTTCTTAACT GAATGCCTGG ATGCAAGCAA AGTCTCATTC TTGATCATGA720  
10 TGAGGTTTAC CATGTCTTCT TGACAGGATC CTGCAAACAA ACCCACAATT GCTACTATGA780  
CATGCAACTC CATGGTTAAT TCCTTGGATA GCAAATAGCT CG 822

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 536:

- 15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 2703 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

- 25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
30 (C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

- 35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 536

AGTTCGGCAC AGGGGGAGGA ACCTGGCCCT GGGAGGAGGC TGTGCGTGC TCCTAGAGAA 60  
TCCCGTTCTG AAGGGAAGAG CATGTTTGCG GCGTCCCCA CCATGCGTGA GAGTCCCCC 120  
AAACAGTACA TGCAGCTCGG AGGCAGGGTC TTGCTGGTTC TGATGTTTAT GACCTCCTT 180  
40 CACTTTGACG CCAGCTTCTT TTCTATTGTC CAGAACATCG TGGNGCACAN GCTCTGATGA 240  
TTTTNAGTGG CCATTGGTTT TAAAACCAAG CTGGCTGCTT TGAATCTTGT TGTGTGCTC 300  
TTTGCCATCA ACGTATATTT CAACGCCTTC TGGACCATTC CAGTCTACAA NGCCCATGCA 360  
TGACTTCCNT GAAATACGAC NTTCTTCCAG ACCATGTCGG TGATTGGGGG CTGCTCCTG 420  
GNTGGNTGGC CCTGGGCCCT NGGGGGTGTG TCCATGGATG AGAAGAAGAA GGAGTGGTAA 480  
45 CAGTCACAGA TCCCTACCTG CCTGGCNTNA AGACCCNGTN GGCCGTCAAG GNACTGGNTT 540  
CNGGGGTGGA TTCAACNAAA ANCTGNCCAG CTTTNNATGT ATCTCTTCC CTTCCTCTCC 600  
CTTGGAAGAG GCACAGATGT TTTGAGAANC TTTATTTGCA GAGACACCTG AGAATNCAT 660  
GGNCTCAGTC TGCTCTGGAG CCACAGTCTG GCGTCTGACC CTTCAGTNGC AGGCCNAGCC 720  
TGGCANGCTG GNAAGCCNTC CCCCACGCC GAGGCTTTNG GNAGTGAANC AGNCCCGCTT 780  
50 NGGNTGTGG CATNTCAGT CCNTATTTTT GAGTTTTTTT GTGGGGGTAN NCAGGAGGGG 840  
GCCTTCAAGC TGTACTGTGA NGCAGACGCA NTGGTATTA TCATTCAAAG CAGTCTCCCT 900  
CTTNATTGT AAGTTTNACA TTTTNNAGC GGAACTACT AAATTATTTT GGGNTGGTTC 960  
AGCCAAACCT CAAAACAGTT AATCTCCNT GGNTTTNAAA ATCACACCAG TGGNCTTTNG1020  
ATGTTGTTTC TGCCCCGCAT TNGTATTTTA TAGGNNATA GTGAAAACAT TTAGGGNACA1080  
55 CCCAANAGAA TGATNGCAGT ATTAAGGGG TGCTAGAAGC TGCTGTTTAT GATAAAAGTC1140  
ATCGGTCAGA AAATCAGCTT GGATTNGGTG CCAAGTGNNN TTTTATTTGG TAACACCTG1200  
GGAGTTTATG TAGCTTGAGG CAAGGTGGAG GGGCAAGAAG TCCTTGGGGA AGCTGCTGGT1260  
CTGGGTNGCT NGCTGGCCTC CAAGCTGGCA GTGGGAAGGG CTAGTGNAGA CCACACANGG1320



5 GGTAGCCCN AGCAGCAGCA CCCTGCAANG CCAGCCNTGG CCNAGCTNNG CTCNAGACCA1380  
 GCNTTNGCAG ANGCCGCAGN CCGCTGTNNG GGCANGGGGG TGTNNGCAGG AGCTCCCNAG1440  
 CACTNNGNAG ACCCAGGAC NTCAACCCAG TTNACCTCAC ATGGGGCCNT TTCNTGAGC1500  
 AAGGTCTNCG AAAGCGCAGG CCGCCCTGGN CTGAGCAGCA CCGCCCTTTC CCAGCTGCAC1560  
 10 TCGCCCTGTG GACAGCCCCG ACACACCANC TTTCCTNGAG GCTGTCGCTC ACTCAGATTG1620  
 TCCGTTTGCT ATGCCGAATG CAGCCAAAAN TTCCTTTTTC CAATTTGTGA TGCCTTACCG1680  
 ATTTGATCTT AATCCTGTAT TTAAAGTTTT CTAACACTGN NCCTTAAACT GTGTTTCTCT1740  
 TTTTGGGGGA GCTTAACTGC TTGTTGCTCC CTGTCGTCTN GCACCATAGT AAATGCCACA1800  
 AGGGTAGTCG AACACCTCTC TGGCCCTAG ACCTATCTGG GGACAGGCTG GCTCAGNCTG1860  
 15 TCTNCCANGG GCTGCTGCGG CCCAGCCCCG AGCCTGCCTC CCTCTTGGNC CTCTCATCCA1920  
 TTGGNCTCTG CAGGGCANGG GGTGAGGCAG GTTCTNNGCN TCATAAGTGC TTTNNGGAAG1980  
 TCACCTACCT TTTTAAACACA GCCGAACAN GTCCCAACGC GNTTGTCAA TATTCCCCTN2040  
 GGTAGCCTAC TTNCCCTTANC CCCCGAANTA TTGGTAAGAT CGAGCAATGG NNCTTCAGGA2100  
 NCATNGGGTT CTCTTCTCCT GTGATCATTN CAAGTGCTCA CTGCNATNGA ANGACTNNGC2160  
 20 TTGNTCNTCA GTGTTTCNAA CCTNCACCAG GGCNTGTCTC TTGGTCCACN ACCTCGCTCC2220  
 CTGTTAGTGC CGTATGACAG CCCCCNATCN AAATGACCTT GGCCNAAGTN CACNGGTTTC2280  
 TCTGTGGTNC AAGGTTGGTT GGCTGATTGG TGGAAANGTN AGGGTGNGAC CNAAANGGAG2340  
 GNCCACGTGA NGCAGNTCNA GCACCANNGT TNCTGCANCC AGCAGCNGCC TCCGTNCCTA2400  
 GTGGGTGTTN CCTNGTTTCN TNCCTGGCCC NTGGGTNGGG CTNAGGGNCC TGATTCGGGN2460  
 25 AANGATGCCT TTGNCANGGG AGGGGAGGAN TAAGTGGGAT CTACCNAANT TNGATTCTGG2520  
 CAAAACAANT TTCTAAGANT TTTTTTGCTT TATGTGGGNA AACAGATCTA AATCTCATTT2580  
 TATGCTGTAT TTTATATCNT TNAGTTGTGT TTGAAAACNG TTTNTGATTT TTGGAAACAC2640  
 ATCAAAATAA ATAATGGCGT TTGTTGTAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA2700  
 AAA 2703

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 537:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 30 (A) LÄNGE: 2664 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- 40 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 45 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 537

50 CTCCCAGGGA GTGCTGAGTA GTGATGGTGT CTGGAGGGTC AAATCCATTC CCAATGGCAA 60  
 AGGTTCTCTCA CCACTCCCCA CCGCTACAAC TCCAAAACCA CTTATCCCTA CAGAGGCCAG 120  
 CATCAGGGTC TGGGGCACGA CGGGCACGAG CCATCTCCAT CCCCAGGAGCA TCTGTATGAT 180  
 TCAGAAGTAC AACCACGATG GGGGAAGCAGG TCGGCTGGAG GCTTTTAGCC AAGGGGAAAG 240  
 TGTCCTAAAG GAACCAAGT ACCAGGAAGA GCTGGAGGAC AGGCTGCATT TCTACGTGGA 300  
 55 GGAATGTGAC TACTTGCAGG GCTTCCAGAT CCTGTGTGAC CTGCACGATG GCTTCTCTGG 360  
 GGTAGGCGCG AAGCGGCGAG AGCTGCTACA AGATGAATAT TCAGGGCGGG GAATAATAAC 420  
 CTGGGGCCTG CTACCTGGTC CCTACCATCG TGGGGAGGCC CAGAGAAACA TCTATCGTCT 480  
 ATTAAACACA GCTTTTGGTC TCGTGCACT GACTGCTCAC AGCTCTCTTG TCTGCCCTT 540

```

GTCCTTGGGT GGGAGCCTGG GCCTGCGACC CGAGCCACCT GTCAGCTTCC CTTACCTGCA 600
TTATGATGCC ACTCTGCCCT TCCACTGCAG TGCCATCCTG GCTACAGCCC TGGACACAGT 660
CACTGTTCCCT TATCGCCTGT GTTCTCTCC AGTTTCCATG GTTCATCTGG CTGACATGCT 720
GAGCTTCTGT GGGAAAAAGG TGGTGACAGC AGGAGCAATC ATCCCTTTCC CTTGGCTCC 780
5 AGGCCAGTCC CTTCTGATT CCCTGATGCA GTTGGAGGA GCCACCCCAT GGACCCCACT 840
GTCTGCATGT GGGGAGCCTT CTGGAACACG TTGCTTTGCC CAGTCAGTGG TGCTGAGGGG 900
GTATAGACAG AGCATGCCAC ACAAGCCACA GAACCAAAGG GACACCTCCA CCCTCTGCCC 960
TTCATGCATG TACCACTGGG GAAGAAATCT TGGCTCAGTA TTTACAACAG CAGCAGCCTG1020
GAGTCATGAG TTCTTCCCAT CTGCTGCTGA CTCCCTGCAG GGTGGCTCCT CTTACCCCT1080
10 ACCTCTTCTC AAGCTGCAGT CCACCGGGTA TGGTTCTGGA TGGTTCCCCC AAGGGAGCAG1140
GTCCTCTGTT TCCCTCTCCC TTCCACAGCA GTGGAGAGCA TCCCAGTGTT TGGGGCACTG1200
TGTTCTCTT CGTCCCTGCA CCAGACCCTG GAAGCCTTGG CCAGAGACCT CACCAAACCT1260
GACTTGCGCG GCTGGGCCAG CTTCATGGAT GCTGGAGTGG AGCAGGATGA CGTCAGAG1320
CTGCTGCAGG AGCTACAAAG CCTGGCCCAG TGTACCAGG GTGGTGACAG CCTCGTGAC1380
15 TAAAGTTCCC AGTGTGGGAG AAAGGAGCTA GTTTGCAATA AAAACAGCTG GATGCAGGAG1440
CCCAGTGTCT TCATGCAGAG GAGCTCAATG TCGCGGGACT AGCTACACCA ACATATGCAC1500
TTTTTACATT TAGAAACACT GTGATTAGAC CACAGAACAA TAAATATGTG CCATCAGACC1560
AAAAAAAAGT AGAGAAAGGA GCTGAACCTC ACTCTCGATG CTATTTACAG AGGACATCTG1620
TAAAGTCTTC ATAAAAGACC TTGAATGATG CCTAGGATGG CAGAGCCCCC GGGTCCTACT1680
20 CCATCCTCCA GCCTTTGTCC TTGTCTGCGC CTCCTGCTCT CCAGATCTGT AAACCTGGGCT1740
CAAGGACTGT ACAAGCAGAG TACAACCTAC CCCTCCCCGG TGCCAGGGCG CCTGTTGGGT1800
TTGGTCTCTG GTAGATGATT CCCAGAGTCT CATTCACTCA GCTCCTCTTC AGACAGAAGG1860
TCCCCATGGT CAGACAGCTG GTCTGCATTG CTGGTACTGG TTGCATCATC CTCATCCTCA1920
GAGCTGGCTT CACAGGCAGT GTGGAAGAGC TGCATGAGTT CTCGAAAACG GTGGGAAACC1980
25 TCAGCAGGGG TCTTATTTCC CAGCTGCTGG GAGATGATGT TGAAGGTCTG TGGCTGTGCC2040
CCTTGCTCCT GGCACATGGT GAGGATCACA CGGTCACTT CCCTTGTTCCA CAGGACAACC2100
TTTTCCCCAG TGGAGCTGAC CTTGCTGTTG TTGGCACACA CCGTAGCTTC TGCGGCCTTT2160
GGCTGCTGCT CCCCCTCTGG ACCCTTGCC TGTGTTCCAC TGTCTTTAGC CAAACCCCT2220
CTAGGGGCTT TGGGAGAAGT CTCTGAGGTG TCAATTCTCTG ATGGAGATTG ATGGACAGGG2280
30 CACGTCTCTG CTCTTGTCTT CACCCTAGCT CTGCTTGAGG GCAGCCATCT CTCTTGAGTG2340
TCTGGTTTCC CGGACACATG TCTTCTCCCT GCATCTCTGG TCTTTGAGGA AACAGGACTC2400
AGGAAGGAAG CAGGGGGTTC CACGGTACCA GGCAATTTCT CAGTTTCTGA TGCATCCCAG2460
ACCAGCATCA AAGCCTCTGA CTCACTCACT GCCTTTTGGC CCTCCCTCTC TTTCTGAAGT2520
CTGGGGGATG CTTTGGGGCA GGAGCGAACC TCAGGCCCAA CCTGGTTTCT CTTAACAGTG2580
35 TCAGGTACAG CTCCAGTTGT GGGGGGAAAT TGAGGAGTCT CTGGTGAATG AGGTGGTGGG2640
CCATCCAGGA GGAGCCGTTC TGTA 2664

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 538:

## 40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3888 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

55

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 538

GAATTCCTCCGC CCGGACTGAC GGAGCCCCT GCGGTGCGGG CGTTGGCGCG GGCACGGAGG 60  
5 ACCCGGGCAG GCAGCGCAAG CGACCCCGAG CGGAGCCCCG GAGCCATGGC CCTGAGCGAG 120  
CTGGCGCTGG TCCGCTGGCT GCAGGAGAGC CGCCGCTCGC GGAAGCTCAT CCTGTTCATC 180  
GTGTTCTCGG CGCTGCTGCT GGACAACATG CTGCTCACTG TCGTGGTCCC CATCATCCCA 240  
AGTTATCTGT ACAGCATTAA GCATGAGAAG AATGCTACAG AAATCCAGAC GGCCAGGCCA 300  
GTGCACACTG CCTCCATCTC AGACAGCTTC CAGAGCATCT TCTCTATTA TGATAACTCG 360  
10 ACTATGGTCA CCGGGAATGC TACCAGAGAC CTGACACTTC ATCAGACCGC CACACAGCAC 420  
ATGGTGACCA ACGCGTCCGC TGTTCCTTCC GACTGTCCCA GTGAAGACAA AGACCTCCTG 480  
AATGAAAACG TGCAAGTTGG TCTGTTGTTT GCCTCGAAAG CCACCGTCCA GCTCATCACC 540  
AACCCTTTCA TAGGACTACT GACCAACAGA ATTGGCTATC CAATTCCCAT ATTTGCGGGA 600  
TTCTGCATCA TGTTTGTCTC AACAATTATG TTTGCCTTCT CCAGCAGCTA TGCCTTCCTG 660  
15 CTGATTGCCA GGTCGCTGCA GGGCATCGGC TCGTCCTGCT CCTCTGTGGC TGGGATGGGC 720  
ATGCTTGCCA GTGTCTACAC AGATGATGAA GAGAGAGGCA ACGTCATGGG AATCGCCTTG 780  
GGAGGCGTGG CCATGGGGGT CTTAGTGGGC CCCCCCTTCG GGAGTGTGCT CTATGAGTTT 840  
GTGGGGAAAGA CCGCTCCGTT CCTGGTGCTG GCCGCCCTGG TACTCTTGA TGGAGCTATT 900  
CAGCTCTTTG TGCTCCAGCC GTCCCGGGTG CAGCCAGAGA GTCAGAAGGG GACACCCCTA 960  
20 ACCACGCTGC TGAAGGACCC GTACATCCTC ATTGCTGCAG GCTCCATCTC CTTTGCAAAC1020  
ATGGGCATCG CCATGCTGGA GCCAGCCCTG CCCATCTGGA TGATGGAGAC CATGTGTTCC1080  
CGAAAGTGGC AGCTGGGCGT TGCCTTCTTG CCAGCTAGTA TCTCTTATCT CATTGGAACC1140  
AATATTTTTG GGATACTTGC ACACAAAATG GGGAGGTGGC TTTGTGCTCT TCTGGGAATG1200  
ATAATTGTTG GAGTCAGCAT TTTATGTATT CCATTTCAA AAAACATTTA TGGACTCATA1260  
25 GCTCCGAAC TGGGAGTTGG TTTTGCAAAT GGAATGGTGG ATTCTGCAAT GATGCCTATC1320  
ATGGGCTACC TCGTAGACCT GCGGCACGTG TCCGTCTATG GGAGTGTGTA CGCCATTGCG1380  
GATGTGGCAT TTTGTATGGG GTATGCTATA GGTCTTCTG CTGGTGGTGC TATTGCAAAG1440  
GCAATTGGAT TTCCATGGCT CATGACAATT ATTGGGATAA TTGATATTCT TTTTGCCCCT1500  
CTCTGCTTTT TTCTTCGAAG TCCACCTGCC AAAGAAGAAA AAATGGCTAT TCTCATGGAT1560  
30 CACAACCTGCC CTATTAATAAC AAAATGTAC ACTCAGAATA ATATCCAGTC ATATCCGATA1620  
GGTGAAGATG AAGAATCTGA AAGTGACTGA GATGAGATCC TCAAAAATCA TCAAAGTGTT1680  
TAATCTGATA AAACAGTGTT TCCAGTGACA CAACTCATCC AGAACTGTCT TAGTCATACC1740  
ATCCATCCCT GGTGAAAGAG TAAAACCAA GGTATTATT TCTTTCCAT GGTATGGTC1800  
GATTGCCAAC AGCCTTATAA AGAAAAAGAA GCTTTTCTAG GGGTTTGAT AAATAGTGTT1860  
35 GAACTTTTAT TTTATGTATT TCATTTTATT AAATATCATA CAATATATTT TGATGAAATA1920  
GGTATTGTGT AAATCTATAA ATACTTGAAT CCAAACCAA TATAATTTTT TAACTTACAT1980  
TAACAAACAT TTGGGCAAAA ATCATATTGG TAATGAGTGT TTAATAATTAA AGCACACATT2040  
ATCTCTGAGA CTCTTCCAAC AAAGAGAAAC TAGAATGAAG TCTGAAAAAC AGAATCAAGT2100  
AAGCAGCAT GTTATATAGT GACACTGAAT GTTATTTAAC TTGTAGTTAC TATCAATATA2160  
40 TTTATGCGTT AAACAGCTAG TTCTCTCAAG TGTAAGAGGAC AAGAACTTGT GTCAGTTATC2220  
TTTTGAATCC ATAAATCTTA GCTGGCATTG GTTTTCTATG TAATCACCTA CCTAGAGAGA2280  
GTTGTAAATT ATATGTTAAC ATGTTATCTG GTTGGCAGCA AACACTAAAG CCAATAAAGG2340  
AAAAACAGTA AATGTTCCGA AAGCAGAGAA AAGCAACCAA ACATATTGTT ATGAACTAAA2400  
AGCTTTCCCT TTAAGATGCA TACTTGTCTT ACTGGATGAA GAAAATTGAG GGTACATGTA2460  
45 CCTTATACTG TCAAGGTTGT TTAACATGA TAAGGTTAAT CGCCATCTAC TTCAAGTTTT2520  
AGAAAAGGAA ACAAGAAGCT AAAAACAGCT GCTCTGACTT TAATATCTGA CTATATCTTT2580  
GATCTGTTTG CAGGTCATCC AAGTGTTTTC TAGGAATATA TTTATTTTAG GTTGTCTGAA2640  
ACTACTATTT TTTAGACTCC TGAAAGTTGT TCACATCAAT GTGAAGACAA ATTTTAAATG2700  
AAAATGAAGA ATGAAATTAT GTCTTGAATC ATATATTAAG AAGTAAAAAT AATAGTGATC2760  
50 AGGCAGAAAA GAAAAATGGA ACATCTAAAA ATGTATGTGC TAACTATATC ATCCAGTGTG2820  
CAGTGTGTG TATTTTCTA AGCATGACAA CATTGATGTG CCTTTTCAGT GTAACAGCAA2880  
ATACTGTTAG TGAACATTGT CAATTTATGT CATTTTGTTA AGAGATATGA CTGGAGTGTG2940  
CAGTGTGGAA TGTCTCTAAT ACTACTTGAG AATCCTGCAG TTCTATAATC ATAAACAAA3000  
ATTACTTAGT TTCGTTAAGC TAAGATTGTG TTTGTGTTAA CTTGACATC AAGGAGCAA3060  
55 GAACTTTAGA ACAGACTCCT CAATCTTGTG ACTTTCTTAT TCTCTAGGAA AGTAACACTT3120  
CGTTTCATGA AGCTTTTCTG TGGGGCTTCG ATTATTTCAA GTCTGGTTTC TAAGTGCAGT3180  
GTGTTTGAAG CAAACGAACT TCCAACCTAC TTATTTGGCA TTGGGCAACT TGGCCAAGTC3240  
TGCTACTTTG GAAGATGGCT CTGGAGGAAA CTCTCATATG GCTAAAAAGG CAGGCTAGTT3300  
TCTTACTTCT ACAGGGGTAG AGCCTTAAAA AAGAACGTGC TACAAATTGG TTCTCTTTGA3360  
60 GGGTTTCTGG TTCTCCCTGC CCCCAATACC ATATACTTTA TTGCAATTTT ATTTTGCCTT3420  
TTACGGCTCT GTGTCTTTCT GCAAGAAGGC CTGGCAAAGG TATGCCCTGT GTTGGTCCCT3480  
CGGGATAAGA TAAAATATAA ATAAAACCTT CAGAACTGTT TTGGAGCAAA AGATAGCTTG3540

TACTTGGGGA AAAAAATTCT AAGTTCTTTT ATATGACTAA TATTCTTGGT TAGCAAGACT3600  
GGAAAGAGGT GTTTTTTTTAA AATGTACATA CCAGAACAAA GAACATACAG CTCTCTGAAC3660  
ATTTATTTT TGAACAGAGG TGGTTTTTAT GTTGGACCT GGTAATACAG ATACAAAAC3720  
TTTAATGAGG TAGCAATGAA TATTCAACTG TTTGACTGCT AAGTGTATCT GTCCATATTT3780  
5 TAGCAAGTTT ACTTAATAAA TCTTCTGAAC CATGTTTTGT GCCTGTTTGT ATTCCTTTAT3840  
AAACCAATG TTGTTGGAAT AAAATACATA AGGTATCATT TTGACCGT 3888

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 539:

10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3304 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 539

AAACCCTCTT GGCTGTCTGC TGTCCAGGGA GTCGCCACTC CCTTCATTAT AGCCTTGCTC 60  
AGAGTGCAGC GGCAGGCCTG GGGATGGCCT CGGGAGAGGG ACCACAGAGC ACCAGCCTGC 120  
ATGGAAC TTCCTCACT CAGCTTCCCA CGTTGCCAGC TGGGACAGGG GAGATGGAGT 180  
35 AATTTTGCTG TGGAAAGACT TCACGTCTTG CCGAATGAAA GTCCCGCCTG TCTGTCACGC 240  
TGATGCCCCG GCAGCTGTCT GAGCACCCGG AATGGAATGA GTCTATGCAC TCCCTCCGGA 300  
TCAGTGTGGG GGGCCTTCCT GTGCTGGCGT CCATGACCAA GGCCGCGGAC CCCCCTTCC 360  
GCCCCGCTG GAAGGTGATC CTGACGTTCT TTGTGGGTGC TGCCATCCTC TGGCTGCTCT 420  
GCTCCACCG CCCGCCCCC GGCAGGCCCC CCACCCACAA TGCACACAAC TGGAGGCTCG 480  
40 GCCAGGCGCC CGCCAAC TACAATGACA CCTACCCCT GTCTCCCCCA CAAAGGACAC 540  
CGGCTGGGAT TCGGTATCGA ATCGCAGTTA TCGCAGACCT GGACACAGAG CCAACCGCCC 600  
AAGACGAAAA CACCTGGCGC AGCGACCTGA AAAAGGGCTA CCTGACCCCTG TCAGACAGTG 660  
GGGACAAGGT GGCCGTGGAA TGGGACAAAG ACCATGGGGT CCTGGAGTCC CACCTGGCGG 720  
AGAAGGGGAG AGGCATGGAG CTATCCGACC TGATTGTTTT CAATGGGAAA CTCTACTCCG 780  
45 TGGATGACCG GACGGGGGTC GTCTACCAGA TCGAAGGCAG CAAAGCCGTG CCCTGGGTGA 840  
TTCTGTCCGA CGGCGACGGC ACCGTGGAGA AAGGCTTCAA GGCCGAATGG CTGGCAGTGA 900  
AGGACGAGCG TCTGTACGTG GGCAGCCTGG GCAAGGAGTG GACGACCACT ACGGGTGATG 960  
TGGTGAACGA GAACCCGGAG TGGGTGAAGG TGGTGGGCTA CAAGGGCAGC GTGGACCACG1020  
AGAAGTGGGT GTCCAAC TACGCGCTGC GGGCTGCTGC CGGCATCCAG CCGCCAGCTA1080  
50 ACCTCATCCA TGAGTCTGCC TGCTGGAGTG ACACGCTGCA GCGCTGGTTC TTCCTGCCGC1140  
GCCGCGCCAG CCAGGAGCGC TACAGCGAGA AGGACGACGA GCGCAAGGGC GCCAACCTGC1200  
TGCTGAGCGC CTCCTCGTCC TTCCGCGACA TCGCTGTGAG CCACGTCGGG GCGGTGGTCC1260  
CCACTCACGG CTCTCGTCC TTCAAGTTCA TCCCCAACAC CGACGACCAAG ATCATTGTGG1320  
CCCTCAAATC CGAGGAGGAC AGCGGCAGAG TCGCCTCCTA CATCATGGCC TTCACGCTGG1380  
55 ACGGGCGCTT CCTGTTGCCG GAGACCAAGA TCGGAAGCGT GAAATACGAA GGCATCGAGT1440  
TCATTTAACT CAAAACGGAA AACTGAGCA AGGCCATCAG GACTCAGCTT TTATAAAAAC1500  
AAGAGGAGTG CACTTTTGTT TTGTTTTGTT CTTTTTGGAA CTGTGCCTGG GTTGGAGGTC1560  
TGGACAGGGA GCCCAGTCCC GGGCCCCATA GTGGTGCGGG CACTGGACCC CCGGGCCCCA1620

CGGAGGCCGC GGTCTGAACT GCTTTCCATG CTGCCATCTG GTGGTGATTT CGGTCACTTC1680  
AGGCATTGAC TCAAGGCCTG CCTAACTGGC TGGGTCGTTT CTTCCATCCG ACCTCGTTTC1740  
TTTTCTTTCC TATGTTCTTT TGTTTCAGTGA ATATCCCTAG AGTCCTACC ATATGTCAGG1800  
CCCTATGCCT CACCCTGAGA ACGCAGTGAG CATGAGGTGG ACCTGTTTGC TGGGAACCCC1860  
5 AGGTCACCCC CTTTTCTTCC CAAACTTGGT GCCTTGGAAG AATCAGGTCC AGCCCTGAAG1920  
ATCCTTGGGG AAGAAAATGT TTATGTTGCA GGGTATTGCA TGGTCACGAG TGAGGGGCAG1980  
GCCCCTGGGG GACACATCTG CCCACAGCTG CACAGGCCAG GGGCACAGGC ACATCTGTTG2040  
GTTCTCAGGC CTCAGATAAA ACCATCTCCG CATCATATGG CCAGTGACCG CTTTCTCCCT2100  
TCAAGAAAAT TCTGTGGCTG TGCAGTACTT TGAAGTTTTA ATTATTAACC TGCTTTAATT2160  
10 AAAGCAGTTT CTTTTCTTAT AAAGTGGAAT CACCAAATCT TATCACACAG AGCACAGTCC2220  
TGATGTTACC CAGCCCGCTC CAGCAGTGCG GGAGATTGTA AGGAAGCGGT GGGCGCTGGT2280  
GAAGCAAGTC TCACATGTCG GCGTTCCTGG CCAATGGATA CAAAGATAAA GAAAATGTTG2340  
CCTTTTTCTA GGAAGTGTCA GAAATCCTCA TGCCTTTCAA GACTTCTGTG AATGACTTGA2400  
ATTTTTTATT CCCTGCCCTAG GGTCTGTGAA CGAGGCCTGT CTCTTCCCTG GGTTTCTTTT2460  
15 CCATGGCCTT TATTTCTCCT CTTCCAGTGG GAGTTTTGCA GGCTCTTCTC TGTGGAAACT2520  
TCACGAGCGT TGGCTGGGCC TCGGCTTCGC TGGAGTGAC TCCAGGGTGA AGGCAGAGTG2580  
GGATTTGAGA CCCAGGTTAG GCACGACCCA GGCTGAGAAG GGACGTTTCC ATCATTCACA2640  
GTGCCCTCCC CACAGCAACT ACCTCACCCC GACCCCCACC CTCACTCCTA CCCCACCCCG2700  
CGATCGTCAG GGGTGCCACG GTGGGCCCGA GGGTGCCGGC TCTGGCTGTC CCTGTGCCGG2760  
20 TCCCTCACAA ACCTCTCCCC CTTTGAAGT CAAGCACAGC TGCGAGGAGG GCAGCGAGGA2820  
GGGACCCCTC TCTCATGGTT GTCTCTTTCC CCCGCTATGT CATAGGTAGT GGAGGAAGCG2880  
AAGGAAGTGA ACGCTGAATG TGACGCATTT CTGAAGAGCT CAGCTGTCAC CGGGCATAGC2940  
CTGGAAGCCC CAAGTCTGTT CTGACTTTGC CTGGCTGTCT CCTTGACCCG CCTCCTAGAT3000  
CATTGTCTT GATGTCCAGG CTGGGTCATT TAAAATAGAG ATGCAATCAG GAAGGTTGGG3060  
25 GGACTTGGGA CTGTGGCTGA ATTGAGACCT TGCTGATGTA TTCATGTCAG CACCTGAGTC3120  
ACAGCCCAGG TGCCCGGAAG CAGCCTCTTC GCATAGGCAG TGATTTGCGA TTACTTTAAA3180  
GCTCACCTT TTTCTTCCCC TCTCTGTTTC CTGCTGTCAG CATAATGATT GTGTTTCCTTC3240  
CCTATGGGAT CCATCTGTTT TGTAAACAAT AAAGCGTCTG AGGGAGTGTA AAAACAGAT3300  
GGAT 3304

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 540:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 863 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 540

55 CAGGATTGAA ACAAGATGGC GGGTTCGTGG TGAGAAGCCG TCAAGGAGTA GAAATTGGTA 60  
TGCTTAGAAG CAGATTCTAA AAGCAGTTTC TCTTCAGAAC ATCTTTTTTC ATACCACTTG120  
ATAAGCATCT TGAAACACCA TGGCTGTAGC TGCAATAAAA TGGGTGATGT CAAAGAGAAC180  
TATCTTGAAA CATTTATTTT CAGTCCAAAA TGGAGCTTTA TATTGTGTTT GTCATAAATC240

TACGTATTCT CCTCTACCAG ATGACTATAA TTGCAACGTA GAGCTTGCTC TGACTTCTGA300  
TGGCAGGACA ATAGTATGCT ACCACCCTTC TGTGGACATT CCATATGAAC ACACAAAACC360  
TATCCCTCGG CCAGATCCTG TGCATAATAA TGAAGAAACA CATGATCAAG TGCTGAAAAC420  
CAGATTGGAA GAAAAAGTTG AACACCTTGA GGAAGGACCT ATGATAGAAC AACTTAGCAA480  
5 AATGTTCTTT ACTACTAAGC ACCGTTGGTA TCCTCATGGA CGGTATCACA GATGTCGTAA540  
GAATCTGAAT CCTCCAAAAG ACAGATGATG CGGAGGTTCC TGGGGGAATC AAAGAGAAAT600  
GTGCCTCATT TGCCATTGTA GAAAATGCAG TCTGGTGTAT TCAGTAATAT ATAGTAAAGT660  
AATAATGATA AAATATCTTT TCATATATTA GAATGTGTAC TTTTATATAA AGTAATTCTG720  
GATTTGACAT TCTCATTTAG AGAGACCTAT TCCTTTTTTC GTTTTCTATT TTAGTGTTC780  
10 ATTTATGTGC GGTCTCCAAT TTAGGACTTT TCCATAGTGC CAAAGCCATA CATATTCAGT840  
AGAACATCAA TAAAAA AAA 863

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 541:

15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1962 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 541

ACCGACGGCC GCCCCTTTTC GTCTTTTTTT TTTTACATT TCAAATATAT TTTATTACTT 60  
TCCATCTTAG AAAGAATATG AAACCTGCAT GCAATGCTAA TGGTTTCTGA CATGTACATA 120  
GCATATAACA CAGCAGTACA ATGCGGCATA TACTGGGGGG CAGTGTGTGG AGGGGGCGTT 180  
40 CTTAAGGGTA TATGTACAGA GGAAAGGGCG CATGGTCATC TTAGCTTTTCG AAAGAGGACT 240  
GCACTGTTTA ACATTGAAGA ATTACATGGG GAATCACAAA TATATTGCTT TAGTACTGCA 300  
TGTTCTGTTG TGGTGAGGGA AAGAAACATG CTTTGAAGGT TTTCCCTTGT CAACAGAATG 360  
TGTGTCTGTA GCTGTGTATT GCGCATGTAT TCATATATTT TTAAGTTTTC TCCTAAGGTT 420  
TTTGCTGACA GTGTTGGGAA CCTCACATGC TTCTGAAGCA TTAAATATTG AACCTGTGAA 480  
45 CCTTTCAGAA ATCCTCAGGT TGGGAAAGAC CCCACACCTT CTTTAAGGAT CATTGTGCTC 540  
GCCATCACAG GATCTTGGAA ATGTTTCCTA GGGTGTGTAA AAATTAACCA GGGGGGAATG 600  
AAGCACATTT TTCTGGCAAC CAACTTGAG TTCCTCAGAG AACAGATGCA GAGAGACCTG 660  
CTCCTGCTTG CCCGGCTACA GGGGCCACTG TGGAGTCACA CTGAGGCTGT GACCGGCCAT 720  
AAGCCCAGGA GAGCCGTGG CAGCTGTGCC GAGGCGCCAG GACCTCTAAG CGGAAGCTTC 780  
50 CCAAGCTAGG AATGGAGCAA CACTGCAATG AAATGTGTCC ACCAAGCTCA TTGTTCCCTC 840  
CGGGCGCTTA TAAAGCTCAG ATGTATAGTG ACGTATGGAC AAATACAAA AAAAAAAAAA 900  
AAAAAAAAA AAAAAAGCC TTTCTTTCTC ACAGGCATAA GACACAAAT ATATTGTGT 960  
ATGAAGCACT TTTTACCAAC GGTACGTTT TACATTTTAT AGCTGCGTGC GAAAGGCTTC1020  
CAGATGGGAG ACCCATCTCT CTTGTGCTCC AGACTTCATC ACAGGCTGCT TTTTATCAAA1080  
55 AAGGGGAAAA CTCATGCCTT TCCTTTTTTAA AAAATGCTTT TTTGTATTG TCCATACGTC1140  
ACTATACATC TGAGCTTTAT AAGCGCCCGG GAGGAACAAT GAGCTTGGTG GACACATTTTC1200  
ATTGCAGTGT TGCTCCATTC CTAGCTTGGG AAGCTTCCGC TTAGAGGTCC TGCGCGCTCG1260  
GCACAGCTGC CACGGGCTCT CCTGGGCTTA TGGCCGGTCA CAGCCTCAGT GTGACTCCAC1320

AGTGGCCCCT GTAGCCGGGC AAGCAGGAGC AGGTCTCTCT GCATCTGTTC TCTGAGGAAC1380  
TCAAGTTTGG TTGCCAGAAA AATGTGCTTC ATTCCCCCCT GGTTAATTTT TACACACCCT1440  
AGGAAACATT TCCAAGATCC TGTGATGGCG AGACAAATGA TCCTTAAAGA AGGTGTGGGG1500  
TCTTTCCCAA CCTGAGGATT TCTGAAAGGT TCACAGGTTC AATATTTAAT GCTTCAGAAG1560  
5 CATGTGAGGT TCCCAACACT GTCAGCAAAA ACCTTAGGAG AAAACTTAAA AATATATGAA1620  
TACATGCGCA ATACACAGCT ACAGACACAC ATTCTGTTGA CAAGGGAAAA CCTTCAAAGC1680  
ATGTTTCTTT CCCTCACCAC AACAGAACAT GCAGTACTAA AGCAATATAT TTGTGATTCC1740  
CCATGTAATT CTTCATGTT AAACAGTGCA GTCCTCTTTC GAAAGCTAAG ATGACCATGC1800  
GCCCTTTCCT CTGTACATAT ACCCTTAAGA ACGCCCCCTC CACACACTGC CCCCCAGTAG1860  
10 TACGCAGGCA TTGGTACCGG CTGGTGTAA AATGGCTATG GGACATGGTC AGGAAACCAT1920  
TTAGGCATTG GCATTGAGGG TTCCATAATC CGTTTCTAAG GA 1962

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 542:

### 15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1772 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### 35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 542

TGGGCGCTGT AGTCCGGCCG GAACCTGTTT GCGACCCCGA GTCCCATGAC ACCGCTTCTC 60  
CTCACACCCC AGTCCGCAGT GCCCCTCCCC AGCCTCGGCC GGGCCTCCCG GGAGCCGGGC 120  
GTGGCGTTCC AGCTAGTGAG CCGTTTCTCC CCTGGGCTCG GAGGCGGAAG CTTGAGGGGC 180  
40 GCGGGGAGGA GCTTCGCGTG CGGGGTGAAC GCCCGCTCTA CGTGCTCGTT CTCTTCGCGA 240  
CCGCTGCGCG CGAGCCCCGT GTCCCCACGG CGGCAGCAG CGCCGCGCGC GCGCGGTGAA 300  
CGCGGAGGGG GCGGAGGGAG CCCGCGGCGG CGGCAGCAGC TACAGCGAAA TGGCGGAGAC 360  
CGTGGCTGAC ACCCGGCGGC TGATCACCAA GCCGCAGAAC CTGAATGACG CCTACGGACC 420  
CCCCAGCAAC TTCCTCGAGA TCGATGTGAG CAACCCGCAA ACGGTGGGGG TCGGCCGGGG 480  
50 CCGCTTCACC ACTTACGAAA TCAGGGTCAA GACAAATCTT CCTATTTTCA AGCTGAAAGA 540  
ATCTACTGTT AGAAGAAGAT ACAGTGACTT TGAATGGCTG CGAAGTGAAT TAGAAAGAGA 600  
GAGCAAGGTC GTAGTTCCCC CGTCCCTGG GAAAGCGTTT TTGCGTCAGT TCCTTTTAGA 660  
GGAGATGATG GAATATTTGA TGACAATTTT ATTGAGGAAA GAAAACAAGG GCTGGAGCAG 720  
TTTATAAACA AGGTCGCTGG TCATCCTCTG GCACAGAACG AACGTTGTCT TCACATGTTT 780  
60 TTACAAGATG AAATAATAGA TAAAGCTAT ACTCCATCTA AAATAAGACA TGCCTGAAAT 840  
TTGGCAAGAA GGGGCAAAAA CGTGAATATT AATGATTGAT AAGCACCAGT GAAGAAGTTC 900  
TAACTTTTAG CATGCTGCAC AGAACTGGT ATAACATGCC TTCAGTATAC TAACACTCAT 960  
ATGCTCAGTT TTGTTTTGTT TTGGCAGTTG ACAAGAAGTT AATTTGCTTT AGTAAAAATC1020  
CCTCATTTCA GCCTTTCTAT ATAAATAGCT CTTTCTTGCT GTTTTAAATGT GGTGCACACT1080  
55 ATAGCCTCAC AAACCTGTTA TTCCAGTGTA ATCTGCAGTG TCGTAACTAA AGTTACTGGC1140  
TTGGTCTTAT TTGCACAGTT TTTGCGTCTT GTTTGCTTCT TGCATCTGAT TAACTAGAAT1200  
ATTTCTCTTT CCCCCTTTTA ATTTGTGATG TCACTTGACC CCATTTATGT GTAGGAGCAC1260  
TACACCATTG GTTTCCAATA CTGCACACAT AAGATACATA CTTGTGTGCA GAAAGTATCT1320

TCCTCCAGGC TTGTAATACC CTTACATGG AAGATTAATG AGGGAAATCT TTATATTCTG1380  
TATAAAACA AAAGCAAATT TATATACTAA AATCATTTGT CTAATAATTT AAGTTGTTTT1440  
CAAATAAAAA TTAAATGCA TTTCTGATAT GCACTGATTG TGTTGCCTCC AGCTTTTTTT1500  
GCTCTCTATG AGTGACTACT TAAGTCACTT GTTGAGAGGG ATTATTTACT AATTATATAC1560  
5 TTCTCATTCC TGTAACCTCA TTCCCTTTAA ACAGTGGTGA TATCAAATAT ACTTCCATCC1620  
ATTGAATGGG GTATTTTAA CAACAACAAA AGTGATATAC TAAAAAATGT ATTGCTTAAG1680  
GCTTATTGAA TCATTTTGAA GCACTTTGTG TATTTGAAA CTGCTTTATA ATCTCATTTA1740  
TTAAAAGGAC TTCAAAGAT AAAACCAAAA AA 1772

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 543:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 15 (A) LÄNGE: 1009 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

20 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 30 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 543

CTCGTGCGGT GATGTTGAGC AGAAGATACA ATTCAAAAGA GAAACAGCCA GTTTGAAACT 60  
35 GTTACCCAC CAGCCCGAA TTGTGGAGAT GAAGAAAGGA AGCAATGGCT ATGGTTTCTA 120  
TCTGAGGGCA GGCTCAGAAC AGAAAGGTCA AATCATCAAG GACATAGATT CTGGAAGTCC 180  
AGCAGAGGAG GCTGGCTTGA AGAACAATGA TCTGGTAGTT GCTGTCAACG GCGAGTCTGT 240  
GGAAACCCGT GATCATGACA GTGTGGTAGA AATGATTAGA AAGGGTGGAG ATCAGACTTC 300  
ACTGTTGGTG GTAGACAAAG AGACGGACAA CATGTACAGA CTGGCTCATT TTTCTCCATT 360  
40 TCTCTACTAT CAAAGTCAAG AACTGCCCCA TGGCTCTGTC AAGGAGGCTC CAGCTCCTAC 420  
TCCCACCTCT CTGGAAGTCT CAAGTCCACC AGATACTACA GAGGAAGTAG ATCATAAGCC 480  
TAAACTCTGC AGGCTGGCTA AAGGTGAAAA TGGCTATGGC TTTCACTTAA ATGCGATTCC 540  
GGGTCTGCCA GGCTCATTCA TCAAAGAGGT ACAGAAGGGC GGTCTGCTG ACTTGGCTGG 600  
GCTAGAGGAT GAGGATGTCA TCATTGAAGT GAATGGGGTG AATGTGCTAG ATGAACCTA 660  
45 TGAGAAGGTG GTGGATAGAA TCCAGAGCAG TGGGAAGAAT GTCACACTTC TAGTCTGTGG 720  
AAAGAAGGCC TATGATTATT TCCAAGCTAA GAAATCCCT ATTGTTCCCT CCCTGGCTGA 780  
TGCCAGTTGA CAGCCCTGCA GGTCTAAAG AAGGAATAGT GGTGGAGTCA AACCATGACT 840  
CGCACATGGC AAAAGAACGG GCGGCTATTG CAGACGCTA ATTTATGCTT AACTTAGGAA 900  
GAGATAAGGT TCCTTGAGCA CCAAAGATGA TTCATAACTC TGTATAGGTG ACAGCTGCTT 960  
50 ATAAAAGCAT CTTAGCAGAT AAGCCTATTA AAATTGTGCT TTTGTAACA 1009

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 544:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 55 (A) LÄNGE: 2834 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure



(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus inz Inen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 544

20 CACTTTGCGG GCGGCACTTT TTCCAGGTTG TTAATCCAGC TAATGGAGAA GGATAGATGC 60  
ACGCTACTTG GTTTAGAAAA AAAAACAAAA ATGAGCAAAC GAGACGCCCC TTCCGTTTTA 120  
TGATAACTAA GCTGCAGGGA AATAAATCGG CTGGCCCTAC TGCAATCTAC TGCACCTCGAG 180  
AAACATCACA GAAAATTCTT TGATTTATCT TAATAGTGAC AAGTGAGCCT GCTTCTGTCA 240  
ATTACTGAAG CTATAAGGAG ATTTTTTAAA AATTAACTT CAACACAATG AGGTGTTGCC 300  
25 ACATCTGCAA ACTTCCTGGG AGAGTAATGG GGATTCGAGT GCTTCGATTA TCTTTGGTGG 360  
TCATCCTCGT ATTATTACTG GTAGCTGGTG CTTTGACTGC CTTACTTCCC AGTGTTAAAG 420  
AAGACAAGAT GCTCATGTTG CGTAGGGAAA TAAAATCCCA GGGCAAGTCC ACCATGGACT 480  
CCTTTACTCT CATAATGCAG ACGTACAACA GAACAGATCT CTTATTGAAA CTTTTAAATC 540  
ATTATCAGGC TGTACCAAT CTGCACAAAG TGATTGTGGT ATGGAACAAAT ATTGGAGAGA 600  
30 AGGCACCAGA TGAGTTATGG AATTCTCTAG GGCCCCACCC TATCCCTGTG ATCTTCAAAC 660  
AACAGACAGC AAACAGGATG AGAAATCGAC TCAGGTCTT TCCTGAAC TGAAACCAATG 720  
CAGTGTGTGAT GGTAGATGAT GACACACTCA TCAGCACCCC AGACCTTGTT TTTGCTTTCT 780  
CAGTTTGGCA GCAATTTCTT GATCAAATTG TAGGATTGTG TCCTAGAAAAG CACGTCTCTA 840  
CTTCATCAGG TATCTACAGT TATGGAAGTT TTGAAATGCA AGCACCAGGG TCTGGAAATG 900  
35 GTGACCAGTA CTCTATGGTG CTGATTGGAG CCTCATCTT CAATAGCAAA TATCTTGAAT 960  
TATTTTCAGAG GCAACCTGCA GCTGTCCATG CTTTGATAGA TGATACTCAA AACTGTGATG1020  
ATATTGCCAT GAATTTTATC ATTGCCAAGC ATATTGGCAA GACTTCAGGG ATATTTGTGA1080  
AGCCTGTAAA CATGGACAAT TTGGAAAAAG AAACCAACAG TGGCTATTCT GGAATGTGGC1140  
ATCGAGCTGA GCACGCTCTG CAGAGGTCTT ATTTGTATAA TAAGCTTGTT AATATCTATG1200  
40 ATAGCATGCC CTTAAGATAC TCCAACATTA TGATTTCCTA GTTTGGTTTT CCATATGCCA1260  
ACTACAAAAG AAAAATATAA AAGTAAAACA AACAAAAACA AACCTGAAAA CTGCTTGGCA1320  
TTTGAGTAGC TTCTCCATGC TATGTATTTT TTTAAGCAAC ATCATGAATT TTATCTACTC1380  
CAGAAGTCTC TACAATAGAA AAAAAAGTGC AGTGCTTCTA GGATATAAAA TTCACATTAC1440  
TTTTGAAAGC CAAGAAGTTG GTCTTATCCA GTTAGGTCTT CTTATGAAGA GTTTTCATCC1500  
45 AGGGATATAA CTCCTTGGTC AGTGATTTTA TTGTTTACAT CCTGAGACTG TTCTACAGTT1560  
TCTTTGACTC CTGGCATTG CTTAAGGAC CTATAGCAAG CTGTTTCTAG GATCAGAAAC1620  
TCAAGAGAGG CATTTCTCTG CTTTTTCACT AAAGGTCAGT TGTTTTAATT TGAAACCTGA1680  
AATGCCTCTT TAGCAAAAGC CTGTGGTATG GGGTAAAGCC ATGTAAGAAG AGAATAGTCT1740  
CAGTCACATA TGAAGAGGAA AATTTGCAGC TGCCAGTGCT TTCCTTGTGG CCCTGCCAAC1800  
50 CAGCTCTTCC AGGACGAACT CAGTCCAGCA TGGTTTTGAT GTAACCATCC ATGCTTTTAT1860  
TTTTGTAAAG TCTTTTGTGA CTGGGACAGT TAATTTTAGT AGCTGAAGAA CGCTAGTTG1920  
TTTGCTTGAT ATTTGTGAAC ATTTACTGCA TGGATCACAA AACAATATAC CCTGTATTTT1980  
TTACACGCCA CTTATATGCA CAAAGGAGTA AATGTGTTAC TAGATTCCGG TAGTGCATTT2040  
TGTCACAGAA TCTGACCTG AGAATGTACA TTAATTCTTA TATTTTACAT AATGTATGTG2100  
55 TTGTTTAAAG AATGTATAAA AAACCTGAAA AAAATGAGTA AGAACTGGCA GAAGTTAAAA2160  
CCCTTTGTAT CAAAAGATCT TTATTGGTAG AGCACTGGTT ATCTTCTGGA TACTAAAAAG2220  
TTGTATTACA AAGCCAAACA CTTGCATTCA CAACTTTAAA AAAAGATCCA AGGAACATT2280  
CATAATGATG AAATTCCAAC TACATACAAG GAGGAGAAAA TAAGAACCCA GTCATAACAG2340  
AGGAATTCTA TAGGAGTCTG CATCAATTCA TTCTTAAGGT TGCCTACTCT CTGTATGTG2400

AATTAGCGTC TGTGTTTCAC CCATTGTCTG TGTTTAGTCC TTGTTACCA CTAAGGCAAG2460  
GAATTCTTAA CTAGGCCTCT GTTTACCAAC TTCTCTTTCT CCTCCTTTCC CTCTTATTCC2520  
TCCTTCTCCT CTTCTTCTT ATATAATGCT AGTATATTCT CAAAATTGCA AAGCTGTGAG2580  
AATATTAAAA TAATCATGGC TAATGTTCCA ATAATGAGGT CTTTGTGCAT TTAGTTCGCG2640  
5 ATATGATGGT TTTTTTTT CATTAAAGAG TATATGTGTC TTAATGCAGT CAGATTGTAA2700  
AAAACAAAAA CAAAGAACT AAGAATCTTA CTAATAATCG ATAATGTCAG TTATCTGTTT2760  
TGTCCAATAT TGGTAGTACT TTTTGCCTC TTATGATTCC TCTAGCAGAT AAATAAAGA2820  
AACTTTTGCC ATCC 2834

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 545:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2319 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

15 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

30 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 545

AACGTCATTG GTAACAGCAA GTCCCAGACA CCAGCCCCCA GTTCCGAAGT GGTTTTGGAT 60  
35 TCAAAGAGAC AAGTTGAGAG AGAGGAAACC AACCATGAGA TCCAGGAGGG GAAAGAAGAG 120  
CCTCAGAGGG ACAGGCTGCC GCAGGAGCCA GGCCGGGAGC AGGTNGTGGA AGACAGACCT 180  
GTAGTGGA GAGGCTTCGG GGGAGCCGGA GAATGGGCC AGACCCACA GGTGCAGGCT 240  
GCCCTGTGAG TGAGNCCAGG AAAATCCAGA GATGGAGGGC CCTGAGCGAG ACCAGCTTGT 300  
CATCCCCGAC GGACAGGAGG AGGAGCAGGA AGCTGCCGGG GAAGGGAGAA ACCAGCAGAA 360  
40 ACTGAGAGGA GAAGATGACT ACAACATGGA TGAAAATGAA GCAGAATCTG AGACAGACAA 420  
GCAAGCAGCC CTGGCAGGGA ATGACAGAAA CATAGATGTT TTTAATGTTG AAGATCAGAA 480  
AAGAGACACC ATAAATTTAC TTGATCAGCG TGAAAAGCGG AATCATACAC TCTGAATTGA 540  
ACTGGAATCA CATATTCAC AACAGGGCCG AAGAGATGAC TATAAATGT TCATGAGGGA 600  
CTGAATACTG AAAACTGTGA AATGTACTAA ATAAAATGTA CATCTGAANG ATGATTATTG 660  
45 TGNAAATTTT AGTATGCACT TTGTGTAGGA AAAAATGGNA ATNGGTCTTT TAAACAGCTT 720  
TTGGGGGGNT ACTTTNGGAA GTGTCTNAAT AANGGTGTCA CNAATTTTGT GNTAGTANGG 780  
TATTTCTGTA GNAAGNNTTC AACACCAAAA CTNGGAACAT AGTTCTCCTT CAAGTGTGG 840  
CGACANCGGG NNGCTTCCTG ATTCTGGAAT ATAACCTTGT GTAAATTAAC AGCCACCTAT 900  
AGAAGAGTCC ATCTGCTGTG AAGGAGAGAC AGAGAACTCT GGGTTCGTC GTCTGTGTTCA 960  
50 CGTGCTGTAC CAAGTGCTGG TGCCAGCCTG TTACCTGTTT TCACTGAAAA GTCTGGCTAA1020  
TGCTCTGTG TAGTCACTTC TGATTCTGAC AATCAATCAA TCAATGGNCC TAGANGCACT1080  
GACTGTTAAC ACAAACGTCA CTAGNCAAAG TAGNCAACNA GCTTTAAGTC TAAATACAAA1140  
GCTGTTCTGT GTGAGAATTT TTTAAAAGGC TACTTGTATA ATAACCTTGT TCATTTTAA1200  
TGTACAAAAC GCTATTAAGT GGCTTAGAAT TTGAACATTT GTGGNTCTTT ATTTACTTTG1260  
55 CTTNCGTGTG TGGGCAAAGC AACATCTTCC CTAATATAT ATTACCAAGA AAANGCAAGA1320  
AGCAGATTAG GNTTTTTGAC NNAACANA ACAGGCCNNA AAAGGGGCGN TGNACCTGGA1380  
GCAGAGCATG GTGNAGAGGC AAGGCATGNA GAGGGCAAGT TTGTTGTGGA CAGATCTGTG1440  
CCTACTTTAT TACTGGAGTA AAANGAAAAC AAAGTTNCAT TGATGTCGNA AGGATATATA1500

CAGTGTNAG AAATTNNAGG NACTNGTTTN AGAAAAACAG GAATACNNAA TGGNTTGNTT1560  
 TTTATCATAN GTGNTACACA TTTAGCTTGT GGNTAAATNG ACTCACAAAA CTGANTTTTA1620  
 AAATCAAGTT AATGTGAATT TTGAAAATTA CTACTTAATC CTAATTCACA ATAACAATGG1680  
 5 CATTAAAGGTT TGACTTGAGT TGGTCTTAG TATTATTTAT GGTAATAGG CTCTTACCAC1740  
 TTGCNAAATA ACTGGNCCAC ATCATTATG ACTGACTTCC CNAGTAANGG CTCTCTAAGG1800  
 GGTAAGTNAG GAGGATCCAC AGGATTTGAG ATGCTAAGGC CCCAGAGATC GTTTGATNCC1860  
 AACCCTCTTA TTTTCNAGAG GGGAAAATGG GGCCTNAGNA AGTTACANGA GCATCNTNAG1920  
 CNTGGTGCGC TGGNCACCCC NTGGCCNTCN ACACNAGACT CCCNGAGTAG CTGGGANCTA1980  
 CAGGCACACA GTCAGTGAAG CAGGCCCNTG TTTGCAATTC ACGTTGCCNA CCTNCCAACN2040  
 10 TTAAACATTN CTTCATATGT GATGTCCCTTA GTCACNTAAG GTTAAANCTT TNCCCACCCA2100  
 GAAAAGGCAA CTTAGATAAA ATCTTAGAGT ACTTTTCATAC TCTTCTAANG TCCTCTTCCA2160  
 GCCTCACTTT GAGTCTCCT TNGGGGTGA TNNNAGGAAT TTTCTCTTGC TTTCTCAATA2220  
 AAGTCTCTAT TCATCTCATG TTTAATTTGT ACGCATAGAA TTGCTGAGAA ATAAAATGTT2280  
 CTGTCAACT TANNNNNAAA AAAAAANAA AAAAAAAA 2319

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 546:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2456 Basenpaare  
 20 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 25 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 546

40 TGCAACTGTG CACCCAGCTT GCCAGATTTT TCCCCATTAC ACCCCCAGTG TGGCATATCC 60  
 TTGGTCCCCA GAGGCACACC CCTTGATCTG TGGACCTCCA GGCTGGACA AGAGGCTGCT 120  
 ACCAGAAACC CCAGGCCCTT GTTACTCAA TTCACAGCCA GTGTGGTTGT GCCTGACTCC 180  
 TCGCCAGCCC CTGGAACCAC ATCCACCTGG GGAGGGGCCT TCTGAATGGA GTTCTGACAC 240  
 CGCAGAGGGC AGGCCATGCC CTTATCCGCA CTGCCAGGTG CTGTCGGCCC AGCCTGGCTC 300  
 45 AGAGGAGGAA CTCGAGGAGC TGTGTGAACA GGCTGTGTGA GATGTTGAGG CCTAGCTCCA 360  
 ACCAAGAGTG TGCTCCAGAT GTGTTGGGGC CCTAACTTGG CACAGAGTCC TGCTCCTGGG 420  
 AAAGGAAAGG ACCACAGCAA ACACCATTCT TTTTGCCGTA CTTCTTAGAA GCACTGGAAG 480  
 AGGACTGGTG ATGGTGGGAG GGTGAGAGGG TGCCGTTTTC CTGCTCCAGC TCCAGACCTT 540  
 GTCTGCAGAA AACATCTGCA GTGCAGCAA TCCATGTCCA GCCAGGCAAC CAGCTGCTGC 600  
 50 CTGTGGCGTG TGTGGGCTGG ATCCCTTGAA GGCTGAGTTT TTGAGGGCAG AAAGCTAGCT 660  
 ATGGGTAGCC AGGTGTTACA AAGGTGCTGC TCCTTCTCCA ACCCTACTT GGTTCCTC 720  
 ACCCAAGCC TCATGTTTAT ACCAGCCAGT GGGTTCAGCA GAACGCATGA CACCTTATCA 780  
 CCTCCCTCCT TGGGTGAGCT CTGAACACCA GCTTTGGCCC CTCCACAGTA AGGCTGCTAC 840  
 ATTCAGGGGC AACCTGGGC TCTATCATTT TCCTTTTGTG CCAAAGGAC CAGTAGCATA 900  
 55 GGTGAGCCCT GAGCACTAAA AGGAGGGGTC CCTGAAGCTT TCCCACTATA GTGTGGAGTT 960  
 CTGTCCCTGA GGTGGGTACA GCAGCCTTGG TTCCTCTGGG GGTGAGAAAT AAGAATAGTG1020  
 GGGAGGGAAA AACTCCTCCT TGAAGATTTC CTGTCTCAGA GTCCAGAGA GGTAGAAAGG1080  
 AGGAATTTCT GCTGGACTTC ATCTGGGCAG AGGAAGGATG GAATGAAGGT AGAAAAGGCA1140

GAATTACAGC TGAGCGGGGA CAACAAAGAG TTCTTCTCTG GGAAAAGTTT TGTCTTAGAG1200  
CAAGGATGGA AAATGGGGAC AACAAAGGAA AAGCAAAGTG TGACCCTTGG GTTTGGACAG1260  
CCCAGAGGCC CAGCTCCCCA GTATAAGCCA TACAGGCCAG GGACCCACAG GAGAGTGGAT1320  
TAGAGCACAA GTCTGGCCTC ACTGAGTGGG CAAGAGCTGA TGGGCCTCAT CAGGGTGACA1380  
5 TTCACCCCGAG GGCAGCCTGA CCACTCTTGG CCCCTCAGGC ATTATCCCAT TTGGAATGTG1440  
AATGTGGTGG CAAAGTGGGC AGAGGACCCC ACCTGGGAAC CTTTTTCCCT CAGTTAGTGG1500  
GGAGACTAGC ACCTAGGTAC CCACATGGGT ATTTATATCT GAACCAGACA GACGCTTGAA1560  
TCAGGCACTA TGTTAAGAAA TATATTTATT TGCTAATATA TTTATCCACA AATGTGGTCT1620  
GGTCTTGTGG TTTTGTCTCG TCGTGAAGT CACTCAGGGT AACACAGTCA TCTCTTTCTA1680  
10 CATCAAGAGA AGTAAATTAT TTATGTTATC AGAGGCTAGG CTCCGATTCA TGAAAGGATA1740  
GGGTAGAGTA GAGGGCTTGG CAATAAGAAC TGGTTTGTA GGGGCTTAAA GTGTGGCTTA1800  
GTGAGATCAG GGAAGGAGAA AGCATGACTG GATTCTTACT GTGCTTCAGT CATTATTATT1860  
ATATGTGTTCA CTTACACAT TATCATACTT CAGTGACTCA GACCTTGGGC AAATACTCTG1920  
TGCTTCGCTT TTTCAGTCCA TAAATGGGC CTACTTAATA GTTGTTCAG GACTTACATG1980  
15 AGATAATAGA GTGTAGAAA TATGTTCCAA AGTGGAAAGT TTTATTCAGT GATAGAAAAC2040  
ATCCAAACCT GTCACAGAGC CCATCTGAAC ACAGCATGGG ACCGCCAACA AGAAGAAAGC2100  
CCGCCCCGAA GCAGCTCAAT CAGGAGGCTG GGCTGGAATG ACAGCGCAGC GGGGCCTGAA2160  
ACTATTTATA TCCCAAAGCT CCTCTCAGAT AAACACAAAT GACTGCGTTC TGCTGCACT2220  
CGGGCTATTG CGAGGACAGA GAGCTGGTGC TCCATTGGCG TGAAGTCTCC AGGGCCAGAA2280  
20 GGGGCTTTTG TCGCTTCCTC ACAAGGCACA AGTTCCCCTT CTGCTTCCCC GAGAAAGGTT2340  
TGGTAGGGGT GGTGGTTTAG TGCCTATAGA ACAAGGCATT TCGCTTCCTA GACGGTGAAA2400  
TGAAAGGGAA AAAAAGGACA CCTAATCTCC TACAAATGGT CTTTAGTAAA GGAACC 2456

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 547:

25

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2218 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

30

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 547

GAGGAAAAAG AACAAATGAAC AGCAACGATC TTGACTGTGC AACTCAGACA TTCCTGCAGA 60  
AAAGACATAT GTTGCTTTAC AAGAAGGCCA AAGAACTATG GGGCCTTCCC AGCATTTGAC 120  
50 TGTTCAATTG ATAGAATGAA TTAAATATCC AGTTACTTGA ATGGGTATAA CGCATGAATG 180  
TGTGATTTTA TTAGGGGCAT CTGCCAATTC TCTCACTGTG GTTCCTTCTC TGACTTTGCC 240  
TGTTTCATCAT CTAAGGAGGC TAGATCCTTC GCTGACTTCA CCATTCTCTA AACCTGTAAG 300  
TTTCTCACTT CTTCCAAATT GGCTTTGGCT CTTTCTTCAA CCTTTCCATT CAAGAGCAAT 360  
CTTTGCTAAG GAGTAAGTGA ATGTGAAGAG TACCAACTAC AACAAATCTA CAGATAATTA 420  
55 GTGGATTGTG TTGTTTGTG AGAGTGAAGG TTTCTTGGCA TCTGGTGCCT GATTAAGGCT 480  
TGAGTATTAA GTTCTCAGCA TATCTCTCTA TTGCTTGAC TTGAGTTTGC TGCAATTTCT 540  
ATGTGCTGTT CGTGACTTGG AGAACTTAAA GTAATCGAGC TATGCCAACT TGGGGTGGTA 600  
ACAGAGTACT TCCCACCACA GTGTTGAAAG GGAGAGCAAA GTCTTATGGA TAAACCTCC 660

```

TTTCTTTTGG GGACACATGG CTCTCACTTG AGAAGCTCAC CTGTGCTGAA TGTCCACATG 720
GTCATAAAC ATGTTATCCT TAAACCCCC GTATGCCTGA GTTGAAAGGG CTCTCTCTTA 780
TTAGGTTTTT ATGGAACAT GAGGCAGCAA ATCTATTGCT AAGACTTTAC CAGGCTCAAA 840
TCATCTGAGG CTGATAGATA TTTGACTTGG TAAGACTTAA GTAAGGCTCT GGCTCCCAGG 900
5 GGCATAAGCA ACAGTTTCTT GAATGTGCCA TCTGAGAAGG GAGACCCAGG TTATGAGTTT 960
TCCTTTGAAC ACATTGGTCT TTTCTCAAAG TTCCTGCCTT GCTAGACTGT TAGCTCTTTG1020
AGGACAGGGA CTATGTCTTA TCAATCACTA TTATTTTCCT GTTACCTAGC ATGGGACAAG1080
TACACAACAC ATATTTGTGT AGTCTTCTAA AAGACTCCTC TGATTGGGAG ACCATATCTA1140
TAATTGGGAT GTGAATCATT TCTTCAGTGG AATAAGAGCA CAACGGCACA ACCTTCAAGG1200
10 ACATATTATC TACTATGAAC ATTTTACTGT GAGACTCTTT ATTTTGCCTT CTACTTGC1260
TGAAATGAAA CCAAAACAGG CCGTTGGGTT CCACAAGTCA ATATATGTTG GATGAGGATT1320
CTGTTGCCTT ATTGGGAACT GTGAGACTTA TCTGGTATGA GAAGCCAGTA ATAAACCTTT1380
GACCTGTTTT AACCAATGAA GATTATGAAT ATGTTAATAT GATGTAATTT GCTATTTAAG1440
TGAAAGCAG TTCTAAGTTT TAGTATTTGG GGGATTGGTT TTTATTATTT TTTCTCTTTT1500
15 TGAAAATAC TGAGGGATCT TTTGATAAAG TTAGTAATGC ATGTTAGATT TTAGTTTTGC1560
AAGCATGTTG TTTTCAAAT ATATCAAGTA TAGAAAAAGG TAAACAGTT AAGAAGGAAG1620
GCAATTATAT TATTCTTCTG TAGTTAAGCA AACACTTGTG GAGTGCCTGC TATGTGCACG1680
GCATGGGCCC ATATGTGTGA GGAGCTTGTC TAATTATGTA GGAAGCAATA GATCTCGGTA1740
GTTACGTATT GGGCAGATAC TTAGTGTATG AATGAAAGAA CATCACAGTA ATCACAATAT1800
20 CAGAGCTGAG TTATCCCCAG TGTAGCTTCG TTGGGGATTG CAGTTTCTGG GAACGAGAGT1860
TAGGGCCATT TTATTTAAAA GAAACTCCCG GTTGAGACCG GTTCTTATGA ACCTCTGAAA1920
CGTACAAGCC TTCACAAGTT TAACTAAATT GGGATTAATC TTTCTGTAGT TATCTGCATA1980
ATTCTTGTTC TTCTTTCCAT CTGGCTCCTG GGTGACAAT TTGTGGAAAC AACTCTATTG2040
CTACTATTTA AAAAAATCA GAAATCTTTC CCTTTAAGCT ATGTTAAATT CAACTATTC2100
25 CTGCTATTCC TGTTTTGTCA AAGAATTATA TTTTCAAAA TATGTTTATT TGTTTGATGG2160
GTCCAGGAA ACATAATAA AAACCACAGA GACCAGCCCC AAAAAAAAAA AAGTTTTG 2218

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 548:

## 30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2196 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 548

```

CGGCGCGATG CGCGGAGACC CCCGCGGGGG CGGCGCGGCG CGTGAGCCCC GATGAGGCCC 60
GAGCGTCCCC GGCGCGCGCG CAGCGCCCCC GGCCCGATGG AGACCCCGCC GTGGGACCCA 120
GCCCCGAACG ACTCGCTGCC GCCACGCTG ACCCGGCGCG TGCCCCCTA CGTGAAGCTT 180
55 GGCTCACCG TCGTCTACAC CGTGTCTAC GCGCTGCTCT TCGTGTTCAT CTACGTGCAG 240
CTCTGGCTGG TGCTGCGTTA CCGCCACAAG CGGCTCAGCT ACCAGAGCGT CTTCTCTTT 300
CTCTGCCTCT TCTGGGCCTC CCTGCGGACC GTCCTCTTCT CCTTCTACTT CAAAGACTTC 360
GTGGCGGCCA ATTCGCTCAG CCCCTTCGTC TTCTGGCTGC TCTACTGCTT CCCTGTGTGC 420

```

```

CTGCAGTTTT TCACCCCTCAC GCTGATGAAC TTGTACTTCA CGCAGGTGAT TTTCAAAGCC 480
AAGTCAAAAT ATTCTCCAGA ATTACTCAAA TACCGGTTGC CCCTCTACCT GGCCCTCCCTC 540
TTCATCAGCC TTGTTTTCTT GTTGGTGAAT TTAACCTGTG CTGTGCTGGT AAAGACGGGA 600
AATTGGGAGA GGAAGGTTAT CGTCTCTGTG CGAGTGGCCA TTAATGACAC GCTCTTCGTG 660
5 CTGTGTGCCG TCTCTCTCTC CATCTGTCTC TACAAAATCT CTAAGATGTC CTTAGCCAAC 720
ATTTACTTGG AGTCCAAGGG CTCCTCCGTG TGTCAAGTGA CTGCCATCGG TGTCACCGTG 780
ATACTGCTTT ACACCTCTCG GGCCCTGTAC AACCTGTTCA TCCTGTCTATT TTCTCAGAAC 840
AAGAGCGTCC ATTCCTTTGA TTATGACTGG TACAATGTAT CAGACCAGGC AGATTTGAAG 900
AATCAGCTGG GAGATGCTGG ATACGTATTA TTTGGAGTGG TGTTATTTGT TTGGGAACCTC 960
10 TTACCTACCA CCTTAGTCGT TTATTTCTTC CGAGTTAGAA ATCCTACAAA GGACCTTACC1020
AACCTTGGA TGCTCCCGAG CCATGGATTC AGTCCCAGAT CTTATTTCTT TGACAACCTT1080
CGAAGATATG ACAGTGATGA TGACCTTGCC TGGAACATTG CCCCTCAGGG ACTTCAGGGA1140
GGTTTTGCTC CAGATTACTA TGATTGGGGA CAACAACTA ACAGCTTCCT GGCACAAGCA1200
GGAAGCTTGA AAAGACTCAA CTTTGGATCC TGACAAACCA AGCCTTGGGT AGCATCAGTT1260
15 AACAGTTTTA TGGACGATTC CTCAGATGAA AAGCTTCAGA AAAGCATAGT GACAGCTGAA1320
TTTTTAGGGC ACTTTTCCTT AAGAAATAGA ACTTGATTTT TATTTGTTAC AGGTTTCCA1380
TGCCCCATA GGAATAAGCA ATAATGTAGA CTGATAAACC CTTATTTTAG TACTAAAGAG1440
GGAGCCTTGC TATTTAGTGG GGTATAATTT AAACCTTTTA AAGAAAATCT GTACTTTTAT1500
AAAGATGTAT TTTGTATAAC TTAAATAATA ATGCTAAAGT ATACTAGGGT TTTTCTTCT1560
20 TGAGAATGTT ACTGCAATCA TGTTGTAGTT TGCACAGACT TTTATGCATA ATTCACCTTA1620
AAAATATAGA ATATATGGTC TAATAGTTTT TTAAAGCTTT TGGACTAAAG TATTCACAA1680
ATCTTACCTC TTTAGGTCAC TGATGGTCAC TCCGATTCTG AGTGCCACAT TGGTAGACTC1740
CTAAAATACA GTTGACAACCT TAGCCAATTG CAACTCCAGT GTTGATAATT AAAATGAAAT1800
GGTAAAGCAG CAGACTGTAA GGTCTTTAGA GATTTTTTTT TTAAGGTTCA GGCCGTAGGT1860
25 TCCTCAAGGA ATCTCTTAAG TTTTGCCCAA AGACTGGTAC TTCCTTTTCA TAGGGCGCTA1920
ATGTATACAC ATTAATGATA AGTTGATAAC ATTAATAATG TAGCTGACTT ATCCTATTAA1980
ACCTCCTCTG CTATGTTTAC AGAACCCCA TAACCTTTTT TCAGCCTAAT GAAATCTAAT2040
ATGCATTACC TCAGGGCCAC ATCAAGAATA CACCCCTTTC CGAACTCACT GAATGTTTCA2100
TACATTCAAG GAGAAAATAA GAGGGTCCAT AAAGGGCATT AATAACAAAT ACCCCAAGCC2160
30 GTTGAGCTAA GACTATGTGG AATCCTAATA GTTTTTT 2196

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 549:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 35 (A) LÄNGE: 701 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:
- 50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 549
- 55 AATTAAAATA AATAGAAACA TACGGAGATT CTTTTATGTT GGATTTATTA TACCCTCCAC 60  
CATTTTGGTC CCTGAAAAGG GAAAAGATAC ACGGTCGAGT AGTACAGGTA TGTGTTTCCC120  
ACTACACATT ATGGCTATAA TGGAGTTGAA TTGCAACAG TAAAATTTTG TTTTGGATTG180

5 GTTTCCTG ATCCCCCAG ACAGGAGCTT CCTCTCCAC CCTACCTGCC TGCCCTTAAG240  
TTGTGCTTA TTAAGTGA CACAAATCTC ACCGGCTTTT AGTCTAATAA TTGAATCATA300  
GCTACACACA GTGACACCAG AATAGCTACT TGTTTTTTTA TGTTACCAGT GAGTAACTTG360  
TTTATCCTTG TATGTAGAAA CTAATTTTAC CATGATCACA GATCTGTGTA ACATCTCTAG420  
TTTGAATTTT CACACAATTT TAAAATGTCT ACTAGAAAAC TTACACCTTT TTGTTCCAAG480  
GTGCTCTTCA TCTATAAAAC CGTGGGCATA CTTCAGTGTT CTTCTGAGGC CAAATTTTGT540  
GGGTCGTGGG GGACAATTTT GTATTAACAT ACGTTATTTT GTAATTCATT CTCCAAATTT600  
GAAGCTTTAT TAAAGGTATT CTATTTCCAC TGGCTTCCCT TAACCTGAAT AAAATTTACT660  
10 CCCAGTGCCG TGGCTCATGC CTGCTGCAAT CCCAGCCCTT T 701

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 550:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 15 (A) LÄNGE: 2214 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 550

35 GCTAAAGAGG AGGATGCTAT ACTTTTCTAA ATGGCAAGAG ATGGGGAGAG AAGGGGATTA 60  
AGAGTTGACC CGCAACCTCC CGGTGGATTG TTTGTTCTTA CCAGATCTCT TGGCCACTCC 120  
CCTATTCTGA AGTCGTCTTG GCTCTCTTGA CTGCTCCCTT ATTCTGAAGT CGTCTTGGCT 180  
CTCTTGACTA TCCTCCCTATT CTGAAGTCGT CTGGCTCTC CTGACTACAC TATTTCAAGG 240  
AATGATCACC AAGACACACA AAGTAGACCT TGGGCTCCCA GAGAAGAAAA AGAAGAAGAA 300  
40 AGTGGTCAAA GAACCAGAGA CTCGATACTC AGTTTTAAAC AATGATGATT ACTTTGCTGA 360  
TGTTTCTCCT TTAAGAGCTA CATCCCCCTC NTAAGAGTGT GGCCCATGGG CAGGCACCTG 420  
AGATGCCTCT AGTGAAGAAA AAGAAGAAGA AAAAGAAGGG TGTCAGCACC CTTTGCGAGG 480  
AGCATGTAGA ACCTGAGACC ACGCTGCCTG CTAGACGGAC AGAGAAGTCA CCCAGCCTCA 540  
GGAAGCAGGT GTTTGGCCAC TTGGAGTTCC TCACTGGGGA AAAGAAAAAN TAAGAAGTCA 600  
45 CCTCTAGCCA TGTCCCATGC CTCTGGGGTG AAAACCTCCC CAGNACCNT AGACAGGGTG 660  
AGGAGGAAAC CAGAGTTGGC AAGAAGCTCA AAAAANCACA AGAAGGAAAA AAAGGGGGNC 720  
CCAGGACCCC ACNAGCCTTC TCGGTCCAGG ACCCTTGGTT CTGTGAGGCC AGGGAGGCCA 780  
GGGATGTTGG GGACACTTGC TNCAGTGGGG AAGAAGGATG AGGAACAGGC AGCCTTGGGG 840  
NCAGAAACGG AAGNCGGAAG AGCCCCAGAG AACACAATGG GAAGGTGAAG AAGAAAAAAA 900  
50 AAATCCACCA GGAGGGAGAT GCCCTCCAG GCCACTCCAA GCCCTCCAGG TCCATGGAGA 960  
GCAGCCCTAG GAAAGGAAGT AAAAGAAGC CAGTCAAAGT TGAGGCTCCG GAATACATCC1020  
CCATAAGTGA TGACCCTAAG TCCTCCGCAA AGAAAAAGAT GAAGTCCAAA AAGAAGGTAG1080  
AGCAGCCAGT CATCGAGGAG CCAGCTCTGA AAAGGAAGAC GAGGAAGAAG AGGAAAGAGA1140  
GTGGGGTAGC AGGAGACCTT TGGAGGGAGG AAACAGACAC GGAAGTAGAG GTGGTGTGG1200  
55 AAAAAAAGG CAACATGGAT GAGGCGCACA TAGACCAGGT GAGGCGAAAG GCCTTGCAAG1260  
AAGAGATCGA TCGCGAGTCA GGCAAAACGG AAGCTTCTGA AACCAGGAAG TGGACGGGAA1320  
CCCAGTTTGG CCAGTGGGAT ACTGCTGGTT TTGAGAACGA GGACCAAAAA CTGAAATTT1380  
TCAGACTTAT GGGTGGCTTC AAAACCTGT CCCCTTCGTT CAGCCGCCCC GCCAGCACGA1440

TTGCAAGGCC CAACATGGCC CTCGGCAAGA AGGCGGCTGA CAGCCTGCAG CAGAATCTGC1500  
AGCGGGACTA CGACCGGGCC ATGAGCTTGG AAGTACAGCC GGGGAGCCGG CTTGCGGTGT1560  
TCTCCACCGC CCCCACAAG ATCTTTTACA TTGACAGGAA CGCTTCCAAG TCAGTCAAGC1620  
TGGAAGATTA AACTCTAGAG TTTTGTCCCC CCAAACTGC CACAATTGCT TTGATTATTC1680  
5 CATTTATGCT GGAGATTACA AATTTTTTTT GGTGAACAAA TCAGATCTTG GTGAGGACCT1740  
CGAGCAGTAA GATATAATA ACTCCCNATA AGCTTAGNCG TTCCCAGTAA TGGAACTA1800  
GGCATAAANT GGTATTATNC AGTTGTGCAA ATGAAAGCCA TCTGACAGTT GGCTNCACAT1860  
TGAACACCTG TGGAGATTAA GGACGAGGAC AACTATATTG ATGGGCTTGG ATGAACTGGG1920  
GCAGGGCAGC TCATATTTTC GGAGCCAGGA GAACGAGTGA GTGCTAAAAC CTCCTGTTTT1980  
10 CTGTGTTAAA CATTCCGTCC CTGTTTGAGA CATCAGTATG TACAGTTAAC TTTTGTGAG2040  
TGTTTAGCAG GTACTAGGGA CATACTAGTG TTTTCCTTAA TGTATTTAAT CTTCATAATT2100  
ATGAAATGGG TGCTATTATT AGCCCCATCT TATAGATGAG GCAACTGAGG TTCAGGGATA2160  
AAGTAATAAA ATTGCCTGGG GTCACCCAGC CACTAAAAAA AAAAAAAAAA AAAA 2214

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 551:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 20 (A) LÄNGE: 1434 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 35 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 551

40 GCGCGGCCGG CGCCTGCGGG GCGAGAGGGT CGGGGCGAAG GGGAAAGCTAC GTCCCGGAGG 60  
TGCGGTGTGG GGCACCGGGC GGGGCCGCGG GAACCGGCGC CCCACGGAGC TGCTGCTGTC 120  
AGACCAACCC CGGGCCCCCA TCATCACTGC GCCGCGCTTT CAGGCGCCGA GAACTACCGT 180  
TCCCGGCATG CCATGAAATT GGCTCGGGC CTGAGGCGGG GTCCGGCCCT CCACCCGCTC 240  
CCGCCGCGCG CGAATCGCGG TCGCGAGCCA TGGAGGAGGA GGCATCGTCC CCGGGGCTGG 300  
GCTGCAGCAA GCCGCACCTG GAGAAGCTGA CCCTGGGCAT CACGCGCATC CTAGAATCTT 360  
45 CCCCAGGTGT GACTGAGGTG ACCATCATAG AAAAGCCTCC TGCTGAACGT CATATGATTT 420  
CTTCCTGGGA ACAAAGAAT AACTGTGTGA TGCCTGAAGA TGTGAAGAAC TTTTACCTGA 480  
TGACCAATGG CTTCCACATG ACATGGAGTG TGAAGCTGGA TGAGCACATC ATTCCACTGG 540  
GAAGCATGGC AATTAACAGC ATCTCAAAAC TGAAGCTGGA CACCCAGTCT TCCATGTATT 600  
CACTTCCTAA TGCACCCACT CTGGCAGACC TGGAGGACGA TACACATGAA GCCAGTGATG 660  
50 ATCAGCCAGA GAAGCCTCAC TTTGACTCTC GCAGTGTGAT ATTTGAGCTG GATTCATGCA 720  
ATGGCAGTGG GAAAGTTTGC CTTGTCTACA AAAGTGGGAA ACCAGCATTA GCAGAAGACA 780  
CTGAGATCTG GTTCCTGGAC AGAGCGTTAT ACTGGCATT TCTCACAGAC ACCTTTACTG 840  
CCTATTACCG CCGTCTCATC ACCCACCTGG GCCTGCCCCA GTGGCAATAT GCCTTCACCA 900  
GCTATGGCAT TAGCCACAG GCCAAGCAAT GGTTCAGCAT GTATAAACCT ATCACCTACA 960  
55 ACACAAACCT GCTCACAGAA GAGACCGACT CCTTTGTGAA TAAGCTAGAT CCCAGCAAAG1020  
TGTTTAAGAG CAAGAACAAG ATCGTAATCC CAAAAAAGAA AGGGCCTGTG CAGCCTGCAG1080  
GTGGCCAGAA AGGGCCCTCA GGACCTCCG GTCCCTCCAC TTCCTCCACT TCTAAATCCT1140  
CCTCTGGCTC TGGAAACCCC ACCCGGAAGT GAGCACCCCT CCCTCCAAC CTCTACCAGC1200



TCCAGAGTGG TGGTTTCCAT GCACAGATGG CCCTAGGGGT GACCTCCAGT TTTGCGTGTG1260  
GACCGTAGGC CTCTTTCTAG TTGAATGACC AAAATTGTAA GGCTTTTAGT CCCACCGACA1320  
TTAGCCAGGC TCGTAGTGAG GCCTCCAGAG CAGGTTGTGC TGTCCCCTGC CTCTGGAAGC1380  
AATGGGGAAT GTGAATCAA GACAATGCCC AAAAAATTTT TAATGCAGCT GGTC 1434

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 552:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2434 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

15

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

25

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 552

30 CCCGGAGAAG GTGGAGGGAG ACGAGAAGCC GCCGAGAGCC GACTACCCTC CGGGCCAGT 60  
CTGTCTGTCC GTGGTGGATC TAAGCCTCAT CTGTATCCTC TTGTGATGGC GTGAAGGAAA 120  
GCCATGGCAG ATTTCCAGCC TGGTGATGCT GTACAGAACA CAGGTGGCCT GCTTCCATGC 180  
CTCCTCAGCT TCAAGAACT AGAATGAACC GAAGCATTCC TGTGGAGGTT GATGAATCAG 240  
AACCATACCC AAGTCAGTTG CTGAAACCAA TCCCAGAATA TCCCCGGAA GAGGAATCAG 300  
35 AACCACCTGC TCCAAATATA AGGAACATGG CACCCAACAG CTTGTCTGCA CCCACAATGC 360  
TTCACAATTC CTCCGGAGAC TTTTCTCAAG CTCACTCAAC CCTGAAACTT GCAAAATCACC 420  
AGCGGCCTGT ATCCCGGCAG GTCACCTGCC TGCGCACTCA AGTTCTGGAG GACAGTGAAG 480  
ACAGTTTCTG CAGGAGACAC CCAGGCCTGG GCAAAGCTTT CCCTTCTGGG TGCTCTGCAG 540  
TCAGCCGAGC TCGCTCTGAG TCTGTGGTTG GAGCCCTCCC TGCAGAGCAT CAGTTTTCAT 600  
40 TTATGGAAAA ACGTAATCAA TGGCTGGTAT CTCAGCTTTC AGCGGCTTCT CCTGACACTG 660  
GCCATGACTC AGACAAATCA GACCAAAGTT TACCTAATGC CTCAGCAGAC TCCTTGGGCG 720  
GTAGCCAGGA GATGGTGCAA CGGCCCCAGC CTNCACAGGA ACCGAGCAGG CCTGGATCTG 780  
CCAACCATAG ACACGGGATA TGATTCCCAG CCCCAGGATG TCCTGGGCAT CAGGCAGCTG 840  
GAAAGGCCCC TGNCCCTCAC CTCCGTGTGT TACCCCCAGG ACCTCCCCAG ACCTCTCAGG 900  
45 TCCAGGGAGT TCCCTCAGTT TGAACCTCAG AGGTATCCAG CATGTGCACA GATGCTGCCT 960  
CCCAATCTTT CCCACATGC TCCATGGAAC TATCATTACC ATTGTCCTGG AAGTCCCGAT1020  
CACCAGGTGC NCATATGGCC ATGACTACCC TCGAGCAGCC TACCAGCAAG TGATCCAGCC1080  
GGCTCTGCCT GGGNCAGCCC CTNNGCCTGG AGCCAGTGTG AGAGGCCTGC ACCCTGTGCA1140  
GAANNGGTTA TCCTGAATTA TCCCAGCCCC TGGGACCAAG AAGAGAGGCC CGCACAGAGA1200  
50 GACTGCTCCT TTCCGGGGCT TCCAAGGCAC CAGGACCAGC CACATCACCA GCCACCTAAT1260  
AGAGCTGGTG CTCCTGGGGA GTCCTTGAG TGCCTGCAG AGCTGAGACC ACAGGTTCCC1320  
CAGCCTCCGT CCCAGCTGC TGTGCCTAGA CCCCTAGCA ACCCTCCAGC CAGAGGAACT1380  
CTAAAAACAA GCAATTTGCC AGAAGAATTG CGGAAAGTCT TTATCACTTA TTCGATGGAC1440  
ACAGCTATGG AGGTGGTGAA ATTCGTGAAC TTTTGTGG TAAATGGCTT CCAAAGTGA1500  
55 ATTGANCANT ATTTGAGGAT AGAATCCGAG GCATTGATAT CATTNAAATG GATGGAGCGC1560  
TACCTTANGG GATAAGACCG TGATGATAAT CGTAGCAATC AGCCCNAAA NTACAAANNC1620  
AGGACGTNGG NAAGGNCGCT GANGTCNGCA GCTGGACGAG GATGAGCATG GCTTACATAC1680  
TAAGTACATT CATCGAATGA TGCAGATTGA GTTCATAAAA CAAGGAAGCA TGAATTTTCAG1740

ATTCATCCCT GTGCTCTTCC CAAATGCTAA GAAGGAGCAT GTGCCCACCT GGCTTCAGAA1800  
CACNTCATGT CTACAGCTGG CCCAAGAATN AAAAAAACA TCCTGCTGCG GCTGCTNGAG1860  
AGAGGAAGAG TATGTGGCTC CTCCACGGGG GCCTCTGCCC ACCNCTTCAG GTGGTTCCCT1920  
TGTGANCACC GTTCATCCCC AGATCACTGA GGCCNAGGCC ATGTTTGGGN GCCTTGTTCT1980  
5 GNACAGCATT CTGGCTGAGG CTNGGTCGGT AGCANNCTCC TGGCTGGTTT TTNTTCTGTT2040  
CCNTCCCCGA NGAAGCCCTC TGGNNCCCC ANGGAAACCT GTTGTGCAGA GCTCTTCCCC2100  
GGAGACCTCC NACACANCCC TGGNCTTTGA AGTGGAGTCT GTGNACTGNC TCTGCATTNC2160  
TCTGCTTTTN AAAAAAACCA TTGCAGGTGN CCAGTGTCCC ATATGTTNCC TCCTNGACAG2220  
NTTTGATGTN GTNCCATTCT NGGGCCTCTC AGTGCTTAGC AAGTAGATAA TGTAAGGGAT2280  
10 GTNNGCAGCA AATGGAAATG ACTACAAACA CTCTCCTATC AATCACTTCA GGCTACTTTT2340  
ATGAGTTAGC CAGATGCTTG TGTATCCTCA NGACCAAACCT GATTTCATGTA CAAATAATAA2400  
AATGTTTACT CTTTGTGAAA AAAAAAAAAA AAAA 2434

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 554:

15

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1457 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 554

ACTAACCAG AGTTGTGGCA TTATTAATTA TCACTGGTCT TCTTAATCGT AAAACGGGGG 60  
ACCCAGAGG CAAGGAAAT TCCATTACCC TATATTGGGC TTAAACTTAA AGGAGTATAT 120  
40 CCACTATCAA GAGCTTAGTA CAAAGGCTGG GGTGAAGTTA CATTATACCT GGGCGTTTAA 180  
CCATACCAGG GACCCACCT CAACAATGAC TGTGGAAGAC CAAAGGAGAT ACCTAGGTTT 240  
AGATTATAAT AAATCACCCA GCACCACCTG AATGTATTAT CCACAAAGAT ATAGCAATAA 300  
TAAAGGTAT ATATACATAT ATTTATCTTG GTAACCTGAG GGCTAAAAAC GTGGAATACG 360  
ATAATTCTTC TCAAGAGGTC CATCTGTAAG AAAGGGACCC AAAAGGACAG TGTTTGTGTT 420  
45 GCATAAAATA TGGGTAAAGT GGAGTTGGGA ACAAAGGGTG GTTCTTTAG CTCTTTCCAC 480  
ATCTCTCTTT GATAAGGACT GAAACCCTGT TGATTCATGA TAAACGTTTC CTTTTTTTTT 540  
TTTTTTGGCA GCGGGGAGAG GGAAGAGGA GGAATGGGG TTTGAGGACC ATGGCTTACC 600  
TTTCCTGCCT TTGACCCATC ACACCCCAT TCTCCTCTT TCCCTCTCCC CGCTGCCAAA 660  
AAAAAAAAA AGGAAACGTT TATCATGAAT CAACAGGGTT TCAGTCCTTA TCAAAGAGAG 720  
50 ATGTGGAAAG AGCTAAAGAA ACCACCCTTT GTTCCCACT CCACTTACC CATATTTTAT 780  
GCAACACAAA CACTGTCCTT TTGGGTCCCT TTCTTACAGA TGGACCTCTT GAGAAGAATT 840  
ATCGTATTCC ACGTTTTTAG CCTCAGGTT ACCAAGATAA ATATATGTAT ATATAACCTT 900  
TATTATTGCT ATATCTTTGT GGATAATACA TTCAGGTGGT GCTGGGTGAT TTATTATAAT 960  
CTGAACCTAG GTATATCCTT TGGTCTTCCA CAGTCATGTT GAGGTGGGCT CCCTGGTATG1020  
55 GTAAAAAGCC AGGTATAATG TAACTTCACC CCAGCCTTTG TACTAAGCTC TTGATAGTGG1080  
ATATACTCTT TTAAGTTTAG CCCCAATATA GGGTAATGGA AATTTCCTGC CCTCTGGGTT1140  
CCCCATTTT ACTATTAAGA AGACCAGTGA TAATTTAATA ATGCCACCAA CTCTGGCTTA1200  
GTAAAGTGAG AGTGTGAAC GTGTGGCAAG AGAGCCTCAC ACCTCACTAG GTGCAGAGAG1260

CCCAGGCCTT ATGTTAAAT CATGCACTTG AAAAGCAAAC CTTAATCTGC AAAGACAGCA1320  
GCAAGCATT TACGGTCATC TTGAATGATC CCTTTGAAAG TTTTTTTTTG GTTGGTTTGG1380  
TTTAAATCA AGCCTGAGGC TGGGTGGAAA CAGGTAGCCT ACACACCCCA AATTGGGGGT1440  
GGTCCCGGGG GAATGTT 1457

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 555:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 741 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- 15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

## 25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 555

30 CCTCTAAAA GACTGGGAAA GCAGCTTTGG GCTTTGGGTC CTCCTAAAAA AACCAAGGCG 60  
GATGACTTGG GGTTTGGATC CCCTTCGGAT GTCACCTGAA AAAGCCTTAG CAGACCTGAT120  
TGAGAAGGAA CTGTCCCGTT CAAAGACCAA CCTTCCCTTT CGCCCCACAT CTCTTCAGAA180  
CTCCTCTTCA CACACTACAA CCGCCAAAGG TCCCAGGCTC TGGATTCCCTG CATCCTGCTG240  
CAGCTACAAA TGCCAATTCT CTAATAGTA CCTTTTCAGT CTTGCCCCAG AGGTTCCCTC300  
35 AATTTTCAGCA GCACCGAGCG GTTATAATT CATTTCAGTT TCCAGGCCAG GCAGCCCGCT360  
ATCCTTGGAT GGCCTTTCCA NCGCAATAGC ATCATGCNAC TTGAACCACA CAGCAAACCC420  
CACCTCAAAT AGTAATTTCT TGGACTTGAA TCTCCCGCCA CAGCACAAACA CAGGTCTGGG480  
AGGGATCCCT GTAGCAGGGG AAGAAGAGGT GAAGGTTTCG ACCATGCCAC TGTCAACCTC540  
TTCCCATTCA TTACAACAAG GACAGCAGCC TACAAGTCTC CACACTACTG TGGCCTGACA600  
40 ACAGAACTGA GAGGAGAGGA TTAGACTCTG GGGTGCTTGC ATGGGCAACT GGATTTTTC660  
ATGATTCCCT TATGATTTTG CTTTAAATGT ATACACCCAG AAGAGCCAAT ATAAACGTT720  
CTCATGCCTA AAAAAAAAAA A 741

45

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 561:

- (A) LÄNGE: 470 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50

## (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

## (iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 561:

10 TDQPNIQSVK IHSLPLRNPV KGCECPRRD GFGFIKCVDR DVRMFFHFSE ILDGNQLHIA 60  
DEVEFTVVPD MLSAQRNHAI RIKKLPGKTV SFHSHSDHRF LGTVEKEATF SNPKTTSFNK120  
GKEKEAEDGI IAYDDCGVKL TIAFQAKDVE GSTSPQIGDK VEFISDKQR PGQQVATCVR180  
LLGRNSNSKR LLGYVATLKD NFGFIETANH DKEIFFHYSE FSGDVDSLEL GDMVEYSLSK240  
GKGNKVSARK VNKTHSVNGI TEEADPTIYS GKVIRPLRSV DPTQTEYQGM IEIVEEGDMK300  
GEVYPFGIVG MANKGDCLOK GESVKFQLCV LGQNAQTMAY NITPLRRATV ECVKDQFGFI360  
15 NYEVDGSKKL FFHVKEVQDG IELQAGDEVE FSVILNQRTE KCSACNVWRV CEGPKAVAAP420  
RPDRLVNRLK NITLDDASAP RLMVLRQPRG PDNSMFGAE RKIRQAGVID 470

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 562:

20 (A) LÄNGE: 126 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 562:

35 LNAILNFFHM EKELLAISYF IVNEAKLIFH TFHCGPAQGC DVVSHSLCIL AQDTQLELDA 60  
LPFLQAIPFV GHPNDAKWID LTFHIALLN LNHSVLVSLC WINTPQGANY FARVNGGISF120  
LSNAIH 126

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 563:

40 (A) LÄNGE: 85 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 563:

KSHTSCNLLS RPLFVTNTKF NLISYLRRSR SFHILGLKSN SQFHPTVIIS NNAILSLLLF60  
AFIWASGFRI GKSGFFFYRA QKTVI 85

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 564:

- (A) LÄNGE: 549 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10

## (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

## (iii) HYPOTHETISCH: ja

15

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

20 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 564:

LYPNFLVNEL ILKQKQRFEE KRFKLDHSVS STNGHRWQIF QDWLGTDQDN LDLANVNLML 60  
25 ELLVQKKKQL EAESHAAQLQ ILMEFLKVAR RNKREQLEQI QKELSVLEED IKRVEEMSG120  
YSPVSEDSTV PQFEAPSPSH SSIIDSTEYS QPPGFSGSSQ TKKQPWYNST LASRRKRLTA180  
HFEDLEQCYF STRMSRISDD SRTASQLDEF QECLSKFTRY NSVRPLATLS YASDLYNGSS240  
IVSSIEFDRD CDYFAIAGVT KKIKVYEYDT VIQDAVDIHY PENEMTCNSK ISCISWSSYH300  
KNLLASSDYE GTVILWDGFT GQRSKVYQEH EKRCWSVDFN LMDPKLLASG SDDAKVKLWS360  
30 TNLDNSVASI EAKANVCCVK FSPSSRYHLA FGCADHCVHY YDLRNTKQPI MVFKGHRKAV420  
SYAKFVSCEE IVSASTDSQL KLNWVGKPYC LRSFKGHINE KNFVGLASNG DYIACGSENN480  
SLYLYYKGLS KTLTTFKFDV VKSVLDKDRK EDDTNEFVSA VCWRALPDGE SNVLIAANSQ540  
GTIKVLELV 549

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 565:

35

- (A) LÄNGE: 132 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40

## (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

## (iii) HYPOTHETISCH: ja

45

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 565:

50

TLYFVYIDMC NSQRGWEIRT LQIIHCYIIV HICYFVTFVF SFVFFFFFFF FFCGSINFYC 60  
FVIYFYSKEF VLSQKLDNT TKSSNVHGVV LMVESWLGIP NVPKVIKEGK EKKKKIFKTN120  
55 PKPMMTLGRD IT 132

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 566:

- 5 (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren  
(B) TYP: Prot in  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 566:

20 GTVLSSLTGE YKPLISSTLL ISSSKTLSSF WICSSCSLLF LLATLRNSIR ICSWAACDSA60  
SSCFFFTSN SNIRLTLAKS RLSWSVPNQS 90

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 567:

- 25 (A) LÄNGE: 331 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 567:

40 SANHKLEVNG TDGLAPVEVE ELLRQASERN SKSPTEYHEP VYANPFYRPT TPQRETVTPG 60  
PNFQERIKIK TNLGIGVNE SIHNMGNLS EERGNNFNHI SPIPPVPHPR SVIQQAEK120  
HTPQKRLMTP WEESNVMQDK DAPSPKPLS PRETIFGKSE HQNSSPTCQE DEEDVRYNIV180  
HSLPPDINDT EPVTMIFMGY QQAEDSEEDK KFLTGYDGII HAELVVIDDE EEEDEGEAEK240  
45 PSYHPIAPHS QVYQPAKPTP LPRKRSEASP HENTNHKSPH KNSISLKEQE ESLGSPVHHS300  
PFDAQTTGDG TEDPSLTALR MRMAKLGKKV I 331

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 568:

- 50 (A) LÄNGE: 216 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 568:

LSLTSRMEEA ELVKGRLOAI TDKRKIQEEI SQKRLKIEED KLKHQHLKKK ALREKWLLDG 60  
ISSGKEQEEM KKQNQQDQHQ IQVLEQSILR LEKEIQDLEK AELQISTKEE AILKKLKSIE120  
RTTEDIIRSV KVEREERAE SIEDIYANIP DLPKSYIPSR LRKEINEEKE DDEQNRKALY180  
15 AMEIKVEKDL KTGESTVLSS NTSGHQMTLK GTGVKV 216

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 569:

(A) LÄNGE: 132 Aminosäuren

20

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 569:

35 LEKLHICFPQ LFGNFSQIMT TTYSHGLIWY TVMIIFWTSE KINKISRREI CKCFLVSSSK 60  
DVIYIGTTLR SPFFPALPFS SLKLLRMDPQ SHLQLSEHQM GNGGQGCLSF LLALSEIWNF120  
CGGIYDLCFH ED 132

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 570:

40

(A) LÄNGE: 199 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 570:

5 NEVTPWSFWW WTKLTFFFPL ALKKSSRVSS SHLPRIYQAF LMSATFNEDV QALKELILHN 60  
PVTCLKQESQ LPGPDQLQQF QVVCETEEDK FLLLYALLKL SLIRGKSLLF VNTLERSYRL120  
RLFLEQFSIP TCVLNGELPL RSRCHIISQF NQGFYDCVIA TDAEVLGAPR QRAMRPRRA180  
KTGTMASRFL ERTVVALGH 199

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 571:

10

(A) LÄNGE: 195 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 571:

30 QRVRAALLSS AMEDSEALGF EHMGLDPRL QAVTDLGWSR PTLIQEKAIP LALEGKDLLA 60  
RARTGSGKTA AYAIPMLQLL LHRKATGPVV EQAVRGLVLV PTKELARQAQ SMIQQLATYC120  
ARDVRVANVS AAEDSVSQRA VLMEKPDVVV GTPSRILSHL QQDSLKLKRD LELLVVDEAD180  
LLFSFGFEEE LKSLL 195

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 572:

35 (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 572:

50 DIGHSDIPST VGSQLLNHGL CLPCQLLGRN KNKASHCLFY HRTCRLPMEQ QLQHRNSISG60  
RLPGARAGPS QEVLPF 76

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 573:



- (A) LÄNGE: 91 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 573:

DSQVGRGPQR NSSLHTGRSV HWGEATGSLR HLQWGRAQPL LFLGGKLRFK LPGAQSMGRK60  
QALXLLRVSV SPFFPLCLIN KFHFSHPNS L 91

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 574:

- (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 574:

EKWNLLIRHK GKKGETETLS KXRACFLPMD FPPGSLNRSF PPRKRRGWAL PHWRWRKLPV60  
ASPQCTLLPV CRLEFLWGPL PTWLSHCPL 89

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 575:

- (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 575:

5

LIRCLRLFSH HVMERKLSTS FLRLPATQLL IHIWSEPWYP STIHARKLDV YSLPFFPLFG60  
DFLLSSAEDG VLVCPMATKI 80

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 577:

10

- (A) LÄNGE: 161 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 577:

25

LLPLLLLLLIH GDTPXGPGPX XQEAPNHRH GLEEXRISXK SCMGXVDWNG PEGVEIYVDG 60  
KEPHNKSQSS QLGFKTNGHX KSSEXVXHDV LDNRKEAGVK VKEGHEHQNQ QDPASELHVL120  
FGGALTHGGD ARKHALPFRT GFSRSTQQPP PRARFLPLCR T 161

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 578:

- (A) LÄNGE: 160 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

45

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 578:

QTDNLSEKQP XGKXVCRGCP QGECSWERAV LLXPGRPALS XTLLXKXAPC EVNWXVVRGS 60  
XXCXGAPAXT PXPXQXAAS AXAGLEXSXA XAGXAGCCCX GLPXVWSXLA LPTASLEASX120  
XPRPAASPRT SCPSTLPQAT KTFRVLPNKX XLGTXSKLIF 160

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 579:

- (A) LÄNGE: 437 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 579:

20 SQGVLSSDGV WRVKSIPNGK GSSPLPTATT PKPLIPTEAS IRVWGTSCTS HLHPRICMI 60  
QKYNHDGEAG RLEAFSQGES VLKEPKYQEE LEDRLHFYVE ECDYLQGFQI LCDLHDGFGSG120  
VGAKAAELLQ DEYSGRGIIT WGLLPGPYHR GEAQRNIYRL LNTAFGLVHL TAHSSLVCPL180  
SLGGSLLGLRP EPPVSFPYLH YDATALPFHCS AILATALDTV TVPYRLCSSP VSMVHLADML240  
SFCGKKVVTG GAIIPFPLAP GQSLPDLSMQ FGGATPWTPL SACGEPGTR CFAQSVVLRG300  
YRQSMHPKQ NQRTSTLCP SCMYHWGRNL GSVFTTAAAW SHEFFPSAAD SLQGGSSLPP360  
PLLKLQSTGY GSGWFPQGS SSVSLSLPQQ WRASQCLGHC VPLRPCTRPW KPWPETSPNS420  
TCGAGPASWM LEWSTMT 437

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 580:

- (A) LÄNGE: 277 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 580:

45 TERLLLDGPP PHSPETPQFP PTTGAVLYTV KRNQVGPEVR SCPKASPRLO KEREQKAVS 60  
ESEALMLVWD ASETKLPQT VEPPASFLSP VSSKTRDAGR RHVSGKPDQ ERWLPSSRAR120  
VKTRDRTCPV HESPSGIDTS ETSPKAPRG LAKDSGTQAK GPEGEQPKA AEATVCANNS180  
KVSSTGEKVV LWTREADRVI LTMCEQGAQ PQTFNIIISQ LGNKTPAEVS HRFRELMQLF240  
HTACEASSED EDDATSTSNA DQLSDHGDLL SEEELDE 277

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 581:

- (A) LÄNGE: 172 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 581:

15 FPESHSSSSS SDRRSPWSDS WSALLVLVAS SSSSELASQA VWKSCMSSRK RWETSAGVLF 60  
PSCWEMMLKV CGCAPCSWHM VRITRSASLV HRTTFSPVEL TLLLLAHTVA SAAFGCCSPS120  
GPLACVPLSL AKPPLGALGE VSEVSIPDGD SWTGHVLSLV FTLALLEGSH LS 172

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 582:

20 (A) LÄNGE: 549 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 582:

35 EFPPGLTEPT AVRALARARR TRAGSASDPE RSPGAMALSE LALVRWLQES RRSRKLILFI 60  
VFLALLLDNM LLTVVVPPIIP SYLYSIKHEK NATEIQTARP VHTASISDSF QSIFSYYDNS120  
TMVTGNATRD LTLHQTATQH MVTNASAVPS DCPSEDKDLL NENVQVGLLF ASKATVQLIT180  
NPFIGLLTNR IGYPIPIFAG FCIMFVSTIM FAFSSSYAFL LIARSLQGIG SSCSSVAGMG240  
40 MLASVYTDDE ERGNVMGIAL GGLAMGVLVG PPFGSVLYEF VGKTAPFLVL AALVLLDGA1300  
QLFVLQPSRV QPESQKGTPL TTLLKDPYIL IAAGSISFAN MGIAMLEPAL PIWMMETMCS360  
RKWQLGVAFL PASISYLIGT NIFGILAHKM GRWLCALLGM IIVGVLSILCI PFPKNIYGLI420  
APNFGVGFAN GMVDSSMMPI MGYLVDLRHV SVYGSVYIAI DVAFCMGYAI GPSAGGAIK480  
AIGFPWLMTI IGIIDILFAP LCFFLRSPPA KEEKMAILMD HNCPIKTKMY TQNNIQSYPI540  
45 GEDEESES 549

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 583:

(A) LÄNGE: 121 Aminosäuren

50 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 583:

YLLSHWNQYF WDTCTQNGEV ALCSSGNDNC WSQHFMYSS KKHLWTHSSE LWSWFCKWNG 60  
GFVNDAYHGL PRRPAARVRL WECVRHCGCG ILYGVCYRSF CWWCYCKGNW ISMAHDNYWD120  
N 121

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 584:

(A) LÄNGE: 106 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

:

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 584:

DGGSVHWPGR LDFCSILLML NAVQITWDDG DHDSEQHVVO QQRQEHDEQD ELPRAAALLQ 60  
PADQRQLAQG HSGAPLGVA CAACPGPPCP RQRPHRSGLR QSGREF 106

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 585:

(A) LÄNGE: 409 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
40 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 585:

KSRLSVTLMP VQLSEHPEWN ESMHSLRISV GGLPVLASMT KAADPRFRPR WKVILTFVVG 60  
AAILWLLCSH RPAPGRPPTH NAHNWRLGQA PANWYNDTYP LSPPQRTAG IRYRIAVIAD120  
LDTEPTAQDE NTWRSDLKKG YLTLSDSGDK VAVEWDKDHG VLESHLAEKG RGMELSDLIV180  
FNGKLYSVDD RTGVVYQIEG SKAVPWVILS DGDGTVEKGF KAEWLAVKDE RLYVGGGLGKE240  
5 WTTTTGDVVN ENPEWVKVVG YKGSVDHENW VSNYNALRAA AGIQPPANLI HESACWSDTL300  
QRWFFLPRRA SQERYSEKDD ERKGANLLLS ASPDFGDIIV SHVGAVVPTH GFSSFKFIPN360  
TDDQIIIVALK SEEDSGRVAS YIMAFITLDGR FLLPETKIGS VKYEGIEFI 409

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 586:

10

- (A) LÄNGE: 249 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 586:

KLSPDGLAQC FRFELNELDA FVFHASDLGL RQOEAPVQRE GHVVGGSAA VLLGFEGHND 60  
LVVVGVDLE GREAVSGDHR PDVAHSDVAE VRGGAQQQVG ALALVLLAV ALLAGAARQE120  
EPALQRVTPA GRIMDEVSWR LDAGSSPQGV VVGHPVLVVH AALVAHHLHP LRVLVHHITR180  
30 SGRPLLAQAA HVQTLVLHCQ PFGLEAFLHG AVAVGQNHGP HGFAAFDLVD DPRPVIHGVE240  
FPIENNQVG 249

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 587:

35

- (A) LÄNGE: 157 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 587:

50

LEFFIPCLGS VNEACLFPGV SFHGLYFSSS SGSFAGSSLW KLHERWLGLG FAGVYSRVKA 60  
EWDLRPRLGT TQAEKGRFHH SQCPHSNYL TPTPTLTPTP PRDRQGCHGG PEGAGSGCPC120  
AGPSQTSPL KLKHSCEEGS EEGPLSHGCL FPPLCHR 157

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 588:

(A) LÄNGE: 144 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

5 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 588:

NTMAVAAYKW VMSKRTILKH LFPVQNGALY CVCHKSTYSP LPDDYNCNVE LALTS DGRTI 60  
VCYHPSVDIP YEHTKPIPRP DPVHNNETH DQVLKTRLEE KVEHLEEGPM IEQLSKMFFT120  
20 TKHRWYPHGR YHRCRKNLNP PKDR 144

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 589:

(A) LÄNGE: 128 Aminosäuren

25 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 589:

40 IHQTAFSQMA NEAHFSLIPP GTSASSVFWR IQILTTSVIP SMRIPTVLSS KEHFAKLFYH 60  
RSFLKVFNF FQSGFQHLIM CFFIIMHRIW PRDRFCVFIW NVHRRVVAYY CPAIRSQSKL120  
YVAIIVIW 128

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 590:

45

(A) LÄNGE: 61 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 590:

10 KLVCLLEADSK SSFSSEHLFS YHLISILKHH GCSCSKMGDV KENYLETFIS SPKWSFILCL60  
S 61

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 591:

15 (A) LÄNGE: 173 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 591:

30 AQESPWQLCR GARTSKRKLP KLGMEQHCNE MCPSSSLFLP GAYKAQMYSD VWTNTKKKKK 60  
KKKKKAFLSH RHKTQIIICY EALFTNGQFL HFIAACERLP DGRPISLVLQ TSSQAAFYQK120  
GENSCLSLFK NAFLYLSIRH YTSELYKRPG GTMSLVDTFH CSVAPFLAWE ASA 173

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 592:

35

(A) LÄNGE: 105 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 592:

TCEPFRNPQV GKDPTPSLRI ICLAITGSWK CFLGCVKINQ GGMKHIFLAT KLEFLREQMQ 60  
RDLLLLARLQ GPLWSHTEAV TGHKPRRARG SCAEAPGPLS GSFPS 105



## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 593:

- 5 (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 593:

20 TCEPFRNPQV GKDPTPSLRI ICLAITGSWK CFLGCVKINQ GGMKHIFLAT KLEFLREQMQ 60  
RDLALLARLQ GPLWSHTEAV TGHKPRRARG SCAEAPGPLS GSFPS 105

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 594:

- 25 (A) LÄNGE: 172 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 594:

40 TPALRARS LR DRCARAPCPH GGQRRRRRL NAEGAEGARG GGSSYSEMAE TVADTRRLIT 60  
KPQNLNDAYG PPSNFLEIDV SNPQTVGVGR GRFTTYEIRV KTNLPFIKFK ESTVRRRYS D120  
FEWLRS ELER ESKVVVPPLP GKAF LRQFLL EEMMEY LMTI LLRKENKGWS SL 172

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 595:

45

- (A) LÄNGE: 127 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 595:

10 SAAGCQPRSP PFRSCCRRR GLPPPPRSA AAAGAAARRG DTGLARSGRE ENEHVERAFT 60  
PHAKLLPAPL KLPPSPGK RLTSWNATPG SREARPLGR GTADWGVRRS GVMGLGVANR120  
FRPDYSA 127

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 596:

15 (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 596:

30 FTSQPFKVTV SSSNSRFFQL ENRKICLDPD FVSGEAAPAD PHRLRVAHID LEEVAGGSVG 60  
VIQVLRGLDQ PPGVSHGLRH FAVAAAAAAG SLRPLRVQPP PPALLPAVGT RGSRAAVAKR120  
TST 123

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 597:

(A) LÄNGE: 262 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 597:

SCGDVEQKIQ FKRETASLKL LPHQPRIVEM KKGSNGYGFY LRGSEQKGQ IIKDIDSGSP 60  
AEEAGLKNND LVVAVNGESV ETLDHDSVVE MIRKGGDQTS LLVVDKETDN MYRLAHFSPF120

LYYQSQELPN GSVKEAPAPT PTSLEVSSPP DTTEEVDHKP KLCRLAKGEN GYGFHLNAIR180  
GLPGSFIKEV QKGGPADLAG LEDEDVIEV NGVNVLDPEY EKVVDRIQSS GKNVTLLVCG240  
KKAYDYFQAK KPIVPSLAD AS 262

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 598:

- 10 (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 598:

KGWRSDFTVG GRQRDGQHVQ TGSFFSISLL SKSRTAQWLC QGGSSSYSHF SGSLKSTRYY60  
RGSRS 65

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 599:

- 30 (A) LÄNGE: 63 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 599:

45 AEDTIQKRNS QFETVTPPAP NCGDEERKQW LWFLSEGRLR TERSNHQGHR FWKSSRGGWL60  
EEQ 63

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 600:

- 50 (A) LÄNGE: 336 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 600:

15 KLNENTMRCC HICKLPGRVM GIRVLRLSLV VILVLLLVAG ALTALLPSVK EDKMLMLRRE 60  
IKSQGKSTMD SFTLIMQTYN RTDLLLKLIN HYQAVPNLHK VIVVWNNIGE KAPDELWNSL120  
GPHPIPVIFK QQTANRMRNR LQVFPELETN AVLMVDDDTL ISTPDLVFAF SVWQQFPDQI180  
VGFVPRKHVS TSSGIYSYGS FEMQAPGSGN GDQYSMLVIG ASFFNSKYLE LFQRQPAAVH240  
ALIDDTQNC DDIAMNFIIAK HIGKTSGIFV KPVNMDNLEK ETNSGYSGMW HRAEHALQRS300  
YCINKLVNIY DSMPLRYSNI MISQFGFPYA NYKRKI 336

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 601:

20

(A) LÄNGE: 101 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 601:

HALKILQHYD FVPWFSCQL QKKNIKVKQT KTNLKTAWHL SSFSMLCIFL SNIMNFIYSR 60  
SLYNRKKS AV LLGYKIHITF ESQEVGLIQL GLLMKSFHGP I 101

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 602:

(A) LÄNGE: 90 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

45

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 602:

5 LKSFNKRSLV LYVCIMRVKE SMVDLPWDFI SLRNMSILSS LTLGSKAVKA PATSNNTTRMT60  
TKDNRSTRIP ITLPGSLQMW QHLIVLKFN 90

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 603:

10 (A) LÄNGE: 163 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 603:

25 IYGVSFILFN IKNIYVSVIP CQGCLLVCLR FCFIFIHVVV IFSSQFLLVS PFPGSFLLLL 60  
LSVGDDKLVS LRALHLWIFL XSLTGQAPV GSGPVLRLPR SLFHLQVCLP XPAPGLAPAA120  
ACPSEALLSP PGSHGWFEPLS QLVSLNPKPL RNWGLVSGTC CYQ 163

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 604:

30 (A) LÄNGE: 150 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 604:

PLSFLMYKTL LSGLEFEHLW XFIYFAXVCG QSNIFPKYIL PRKXKKQIRX FDXKXNRPKX 60  
GAXTWSRAWX RGKAXRGQVC CGQICAYFIT GVKXKQSDID VXRIYTVXRN XRXFXKKNRN120  
50 TXWXXFYHXX YTFSLWXNXL TKLXFKIKLM 150

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 605:

(A) LÄNGE: 108 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 605:

LDFKXQFCES IXPQAKCVXX MIKXXPXXIP VFLKXVPXIS XHCIYPKDIN XTLEFSFYSSN 60  
KVGTDLSTTN LPSXCLASXP CSAPGXXPLX XPVXFVVKXP NLLLAFSW 108

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 606:

- (A) LÄNGE: 203 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 606:

GPSALVHSVR PDLCSNPLSC GSLACMAYTG ELGLWAVQTQ GSHFAFPLLS PFSILALRQN 60  
FSQRRTLCCP RSAVILPFLP SFHPSSAQMK SSRNSSFLPL WDSETGNLQG GVFPSPFLFL120  
STPRGTAAV PTSGTELHTI VGKLQGPLLL VLAHLCYWS FWQKRKMIEP RVAPECSSLT180  
40 VEGPKLVFRA HPRREVIRCH AFC 203

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 607:

- 45 (A) LÄNGE: 154 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
  - (C) STRANG: einzel
  - (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 607:

EVROKEWCLL WSFPFPGAGL CAKLGPOHIW STLLVGARPE HLTQPVHTAP RVPPLSQAGP 60  
TAPGSADKGM ACPLRCQNSI QKAPPQVDVV PGAGEESGTT TLAVNLSNRG LGFLVAASCP120  
GLEVHRSRGV PLGTKDMPHW GCNGEKSGKL GAQL 154

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 608:

(A) LÄNGE: 123 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 608:

CGVLSLRWVQ QPWFLWGLRI RIVGREKLLL EDFLSQSPRE VERRNFCWTS SGQRKDG MKV 60  
EKAELQLSGD NKEFFSGKSF VLEQGWMGT TKEKQSVTLG FGQPRGPAPQ YKPYRPGTHR120  
RVD 123

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 609:

(A) LÄNGE: 88 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 609:

50

LVEPNGLFWF HFSASRRQNK ESHSKMFIVD NMSLKVVPLC SYSTEEMIHI PIIDMVSQSE60  
ESFRRLHKYV LCTCPMLG NR KIIVIDKT 88

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 610:

- (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 610:

SCFHKLSTQE PDGKKKNKYA DNYRKINPNL VKLVKACTFQ RFIRTGLNRE FLLNKMALTL60  
VPRNWN PQRS YTG DNSALIL 80

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 611:

- (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 611:

MGITHECVIL LGASANSLTV VPSLTLPVHH LRRLDPSLTS PFLKPVSFSL LPNWLWFLQ60  
PFHSRAIFAK E 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 612:

- (A) LÄNGE: 395 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja



(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 612:

APMRPERPRP RGSAPGPMET PPWDPARNDL LPPTLTPAVP PYVKLGLTVV YTVFYALLFV 60  
FIYVQLWLVL RYRHKRLSYQ SVFLFLCLFW ASLRTVLFSF YFKDFVAANS LSPFVFWLLY120  
CFPVCLQFFT LTLMNLYFTQ VIFKAKSKYS PELLKYRLPL YLASLFISLV FLLVNLTCAV180  
10 LVKTGNWERK VIVSVRVAIN DTLFVLCVAV LSICLYKISK MSLANIYLES KGSSVCQVTA240  
IGVTVILLYT SRACYNLFIL SFSQNKSVHS FDYDWINVSD QADLKNQLGD AGYVLFQVVL300  
FVWELLPTTL VVYFFRVRNP TKDLTNPGMV PSHGFSPRSY FFDNPRRYDS DDDLAWNIAF360  
QGLQGGFAPD YYDWGQQTNS FLAQAGTLQR LNFGS 395

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 613:

(A) LÄNGE: 213 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 613:

ARCAETPAGA AAASPDEAR ASPAARQRPR PDGDPVAVGPS PQRLAAAHAD PGRAPLREAW 60  
PHRRLHRVLR AALRVHLRAA LAGAAALPPQA AQLPERLPLS LPLLGLPADR PLLLLQLRLR120  
35 GGQFAQPLRL LAALLLPCVP AVFHPhADEL VLHAGDFQSQ VKIFSRTIQI PVAPLPGLPL180  
HQPCFPVGEF NLCCAGKDGK LGEEGYRLCA SGH 213

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 614:

40 (A) LÄNGE: 161 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 614:

LG FENHLREV QVHQREGEKL QAHREAVEQP EDEGAERIGR HEVFVEVEGEE DGPQGGPEEA 60  
EKEEDALVAE PLVAVTQHQP ELHVDEHEEQ RVEHGVDDGE AKLHVGGHGR GQRGRQRVVA120  
GWVPRRGLHR AGGAAARPGT LGPHRGSRPP PPRGSPRIA P 161

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 615:

- 10 (A) LÄNGE: 102 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 615:

25 HKKTSSSYSGV TVCSYDSIIR LKAGEICVQF NRTQLKGRQV GWERKLLSGG IRGNQSKTKF 60  
YCLQFNSIIA IMCSGKHIPV LLDRVSFPFS GTKMVEGIIN PT 102

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 616:

- 30 (A) LÄNGE: 86 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 616:

45 VTCLS LYVET NFTMITDLCN ISSLN FHTIL KCLLENLHLF VPRC SSSI KP WAYFSVLLRP60  
NEVGRGGQFC INIRYFVIHS PNLKLY 86

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 617:

50

- (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 617:

RMLIQNCPPR PTKFGLRRTL KYAHGFIDEE HLGTKRCKFS SRHFKIVWKF KLEMLHRSVI60  
MVKLVSTYKD KQVTHW 76

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 618:

(A) LÄNGE: 378 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 618:

SRCRFCCRLS AAFLPRAMLG LAIVLAGRLN EGDRFLKPPI SLRNFSFWSS FSKPAVSHWP 60  
NWVPVHFLVS EASVLPDSRS ISSCKAFRLT WSMCASSMLP FFSNTTSKSV SVSSLQGSPA120  
TPLSFLFFLV FLFRAGSSMT GCSTFFLDFI FFFAEDLGSS LMGMYSGAST LTGFLLPFL180  
GLLSMDLEGL EWPGRASPSW WIFFFFFFTP LCSLGLFRLP FLXPRLPVPV PSSPLXQVSP240  
TSLASLASQN QGSWTEKAXG VLGPPFFPSC XFLSFLPTLV SSSPCLXVLG RFSPQRHGTW300  
LEVTSXFFFS PLRNSKWPNT CFLRLGDFSV RLAGSVVSGS TCSSQRVLTP FFFFFFFFTR360  
GISGACPWAT LLXGGCSS 378

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 619:

(A) LÄNGE: 269 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 619:

5 GTGSLGXRNQ XRKSPREHNG KVKKKKKIHQ EGDALPGHSK PSRSMESSPR KGSKKKPKVKV 60  
EAPYIPIPD DPKSSAKKKM KSKKKVEQPV IEEPALKRKT RKKRKESGVA GDPWREETDT120  
DLEVVLEKKG NMDEAHIDQV RRKALQEEID RESGKTEASE TRKWTGTQFG QWDTAGFENE180  
10 DQKLKFLRLM GGFKNLSPSF SRPASTIARP NMALGKKAAD SLQQNLQRDY DRAMSLEVQP240  
GSRLAVFSTA PNKIFYIDRN ASKSVKLED 269

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 620:

15 (A) LÄNGE: 218 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 620:

30 VRVCFLPPRV SCYPTLFPLL PRLPFQSWLL DDWLLYLLFG LHLFLCGGLR VITYGDVFRS 60  
LNFDWLLFTS FPRAALHGGP GLGVAWEGIS LLVDFFFLH LPIVFSGALP XSVSXPKAAC120  
SSSFFPTXAS VPNIPLGLPL TEPRVLDREG XWGPXPFFS FLXFFELLAN SGFLTLTXG180  
XGEVFTPEAW DMARGDFLXF LFPTEELQVA KHLLEAG 218

## 35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 621:

(A) LÄNGE: 389 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## 50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 621:

AAGACGARGS GRRGSYVPEV RCGAPGGAAG TGAPRSCCCQ TNPGPSSLR RAFRRRELPF 60  
PACHEIGLGA EAGSGPPPAP AARESRSRAM EEEASSPGLG CSKPHLEKLT LGITRILESS120

PGVTEVTIIE KPPAERHMIS SWEQKNNVCM PEDVKNFYLM TNGFHMTWSV KLDEHIIPLG180  
SMAINSISKL TQLTQSSMYS LPNAPTLADL EDDTHEASDD QPEKPHFDSR SVIFELDSCN240  
GSGKVCLVYK SGKPALAEDT EIWFLDRALY WHFLDTFTTA YYRLLITHLG LPQWQYAFTS300  
YGISPQAKQW FSKYKPITYN TNLLTEETDS FVNKLDPSKV FSKSNKIVIP KKKGPVQAPAG360  
5 GQKGPSGPGSG PSTSSTSKSS SGSGNPTRK 389

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 622:

- 10 (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 622:

25 ARPAPAGREG RGEGEATSRG CGVGHRAGPR EPAPHGAAV RPTPGPHHC AALSGAENYR 60  
SRHAMKLASA LRRGPALHPL PPRANRGREP WRRHRPRGW AAASRTWRS 109

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 623:

- 30 (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 623:

45 RSAGGFSSMV TSVTPGEDSR MRVMPVSFS RCGLLQPSPG DDASSMARD RDSRAAGAGG60  
GPDPASAPRP ISWHAGNGSS RRLKARRSDD GGPGLV 96

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 624:

- 50 (A) LÄNGE: 218 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 624:

15 CCTEHRWPAS MPPQLQETRM NRSIPVEVDE SEPYPSQLLK PIPEYSPEEE SEPPAPNIRN 60  
MAPNSLSAPT MLHNSSGDFS QAHSTLKLAN HQRPVSRQVT CLRTQVLEDS EDSFCRRHPG120  
LGKAFPSGCS AVSEPASESV VGALPAEHQF SFMEKRNQWL VSQLSAASPD TGHDSKSDQ180  
SLPNASADSL GGSQEMVQRP QPXQEPSRPG SANHRHGI 218

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 625:

20 (A) LÄNGE: 212 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 625:

35

NLQITSGLYP GRSPACALKE WRTVKTVSAG DTQAWAKLSL LGALQSASLR LSLWLEPSLQ 60  
SISFHLWKNV INGWYLSFQR LLLTLAMTQT NQTKVYLMPO QTPWAVARRW CNGPSLHRNR120  
AGLDLPTIDT GYDSQPQDVL GIRQLERPLX LTSVCYPQDL PRPLRSREFF QFEPQRYPAC180  
AQMLPPNLSP HAPWNYHYHC PGSPDHQVXI WP 212

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 630:

(A) LÄNGE: 184 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

45 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 630:

5 FMINVSFFFF LAAGRGKEEE MGCDGSKAGK VSHGPQTPFP PLSLSPLPKK KKKETFIMNQ 60  
QGFSPYQREM WKELKKPPFV PNSTLPIFYA QTLSFWVPF LQMDLLRRII VFHVFSPOVT120  
KINICIYNLY YCYIFVDNTF RWCWVIYYNL NLGISFGLPQ SLLRWGPWYG KTPRYNVTSP180  
QPLY 184

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 631:

(A) LÄNGE: 138 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 631:

30 GPWLTFPAFD PSHPISSSFP LPAAKKKKKE TFIMNQOGFS PYQREMWKEL KKPPFVPNST 60  
LPIFYATQTL SFWVPFLQMD LLRRIIVFHV FSPQVTKINI CIYNLYCYI FVDNTRWCW120  
VIYYNLNLGI SFGLPQSC 138

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 632:

(A) LÄNGE: 91 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 632:

50 VVKGRKGKPW SSNPISSSFP LPAAKKKKKG NVYHESTGFQ SLSKRDVERA KETTLCSQLH60  
FTHILCNTNT VLLGPFLTDG PLEKNYRIPR F 91

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 633:

(A) LÄNGE: 111 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 633:

RNHAKIQ LPM QAPQSLILSS QFCCQATV VVW RLVGCCPCCN EWEEVD SG MV ETFTSSSPAT 60  
GIPPRPVLCC GGRFKSKKLL FEVGFAVWEK XHDAIAXERP SKDSGLPGLE N 111

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 634:

(A) LÄNGE: 89 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 634:

LRRNCPVQRP TFPFAPHLER TPLHTLQPPK VPGSGFLHPA AATNANSLNS TFSVLPQRFP60  
QFQQHRAVYN SFSFPGQAAR YPWMAFPXQ 89

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 635:

(A) LÄNGE: 89 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja



(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 635:

FIQFSRPGSP LSLDGLSXAI ASCXLNHTAN PTSNSNFLDL NLPPQHNTGL GGIPVAGEEE60  
VKVSTMPLST SSHSLQQGQQ PTSLHTTVA 89

10

**Patentanspruch**

1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert,  
umfassend
- 5 a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq ID No 1-126 und Seq. ID No 531-552, 554, 555.
- 10 b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen
- oder
- 15 c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID Nos 1 - 126 und Seq. ID No 531-552, 554, 555 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.
- 20 3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555, dadurch gekennzeichnet, daß sie im Uterustumorgewebe erhöht exprimiert sind.
- 25 4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.
- 30 5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
- 35 6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
- 40 7. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.
- 45

8. Ein Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp aufweist.
- 5 9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4000 bp aufweist.
- 10 10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.
- 15 11. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.
- 20 12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.
- 25 13. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.
- 30 14. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.
- 35 15. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 14 erhältlich ist.
- 40 16. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.
- 45 17. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.
- 50 18. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 oder 17, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem *E. coli* und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.

19. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 16 bis 18 kultiviert werden.
- 5 20. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555 kodiert wird, das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.
- 10 21. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.
- 15 22. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20 dadurch gekennzeichnet, daß er ein Phage-Display-Antikörper ist.
- 20 23. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID Nos. Seq. 142-528 und Seq. ID Nos. Seq. 561-575, 577-625, 630-635.
- 25 24. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 23, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
25. Ein aus einem Phage-Display hervorgegangenes Polypeptid, welches an die Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 23 binden kann.
- 30 26. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 23, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
- 35 27. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 142-528 und Seq. ID Nos. Seq. 561-575, 577-625, 630-635, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Uterustumor.
- 40 28. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Endometriumtumor verwendet werden können.
- 45 29. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555 in sense oder antisense Form.

30. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 142-528 und Seq. ID Nos. Seq. 561-575, 577-625, 630-635 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Endometriumtumor.
- 5 31. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 142-528 und Seq. ID Nos. Seq. 561-575, 577-625, 630-635, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen den Endometriumtumor.
- 10 32. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 142-528 und Seq. ID Nos. Seq. 561-575, 577-625, 630-635.
- 15 33. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.
- 20 34. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.
- 25 35. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555.
- 30 36. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 35, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.
- 35 37. Verwendung gemäß Anspruch 36, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/ oder Enhancer ist.
38. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 300 bis 3500 bp aufweist.

1/10

## Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

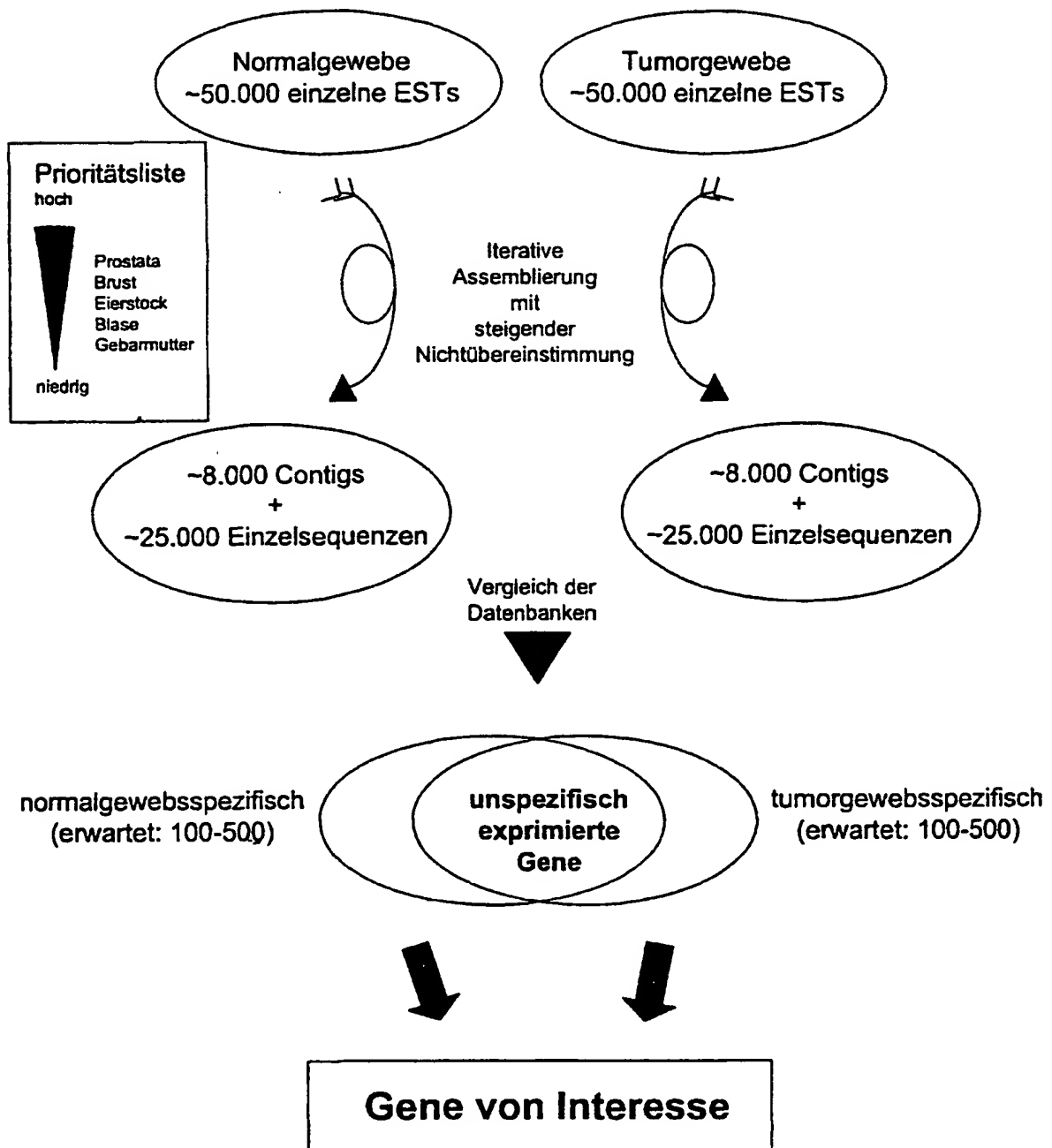


Fig. 1

2/10

## Prinzip der EST-Assemblierung

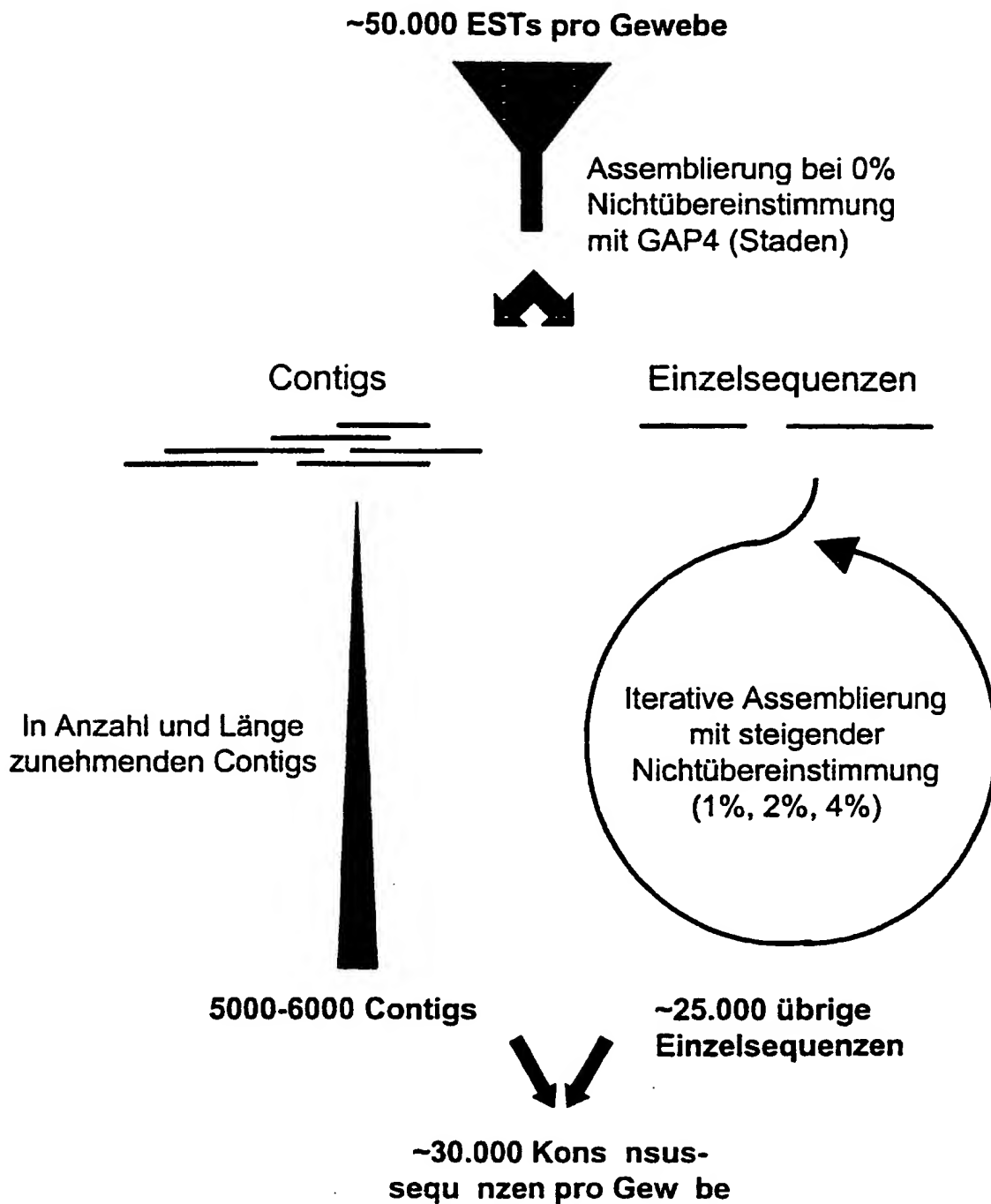


Fig. 2a

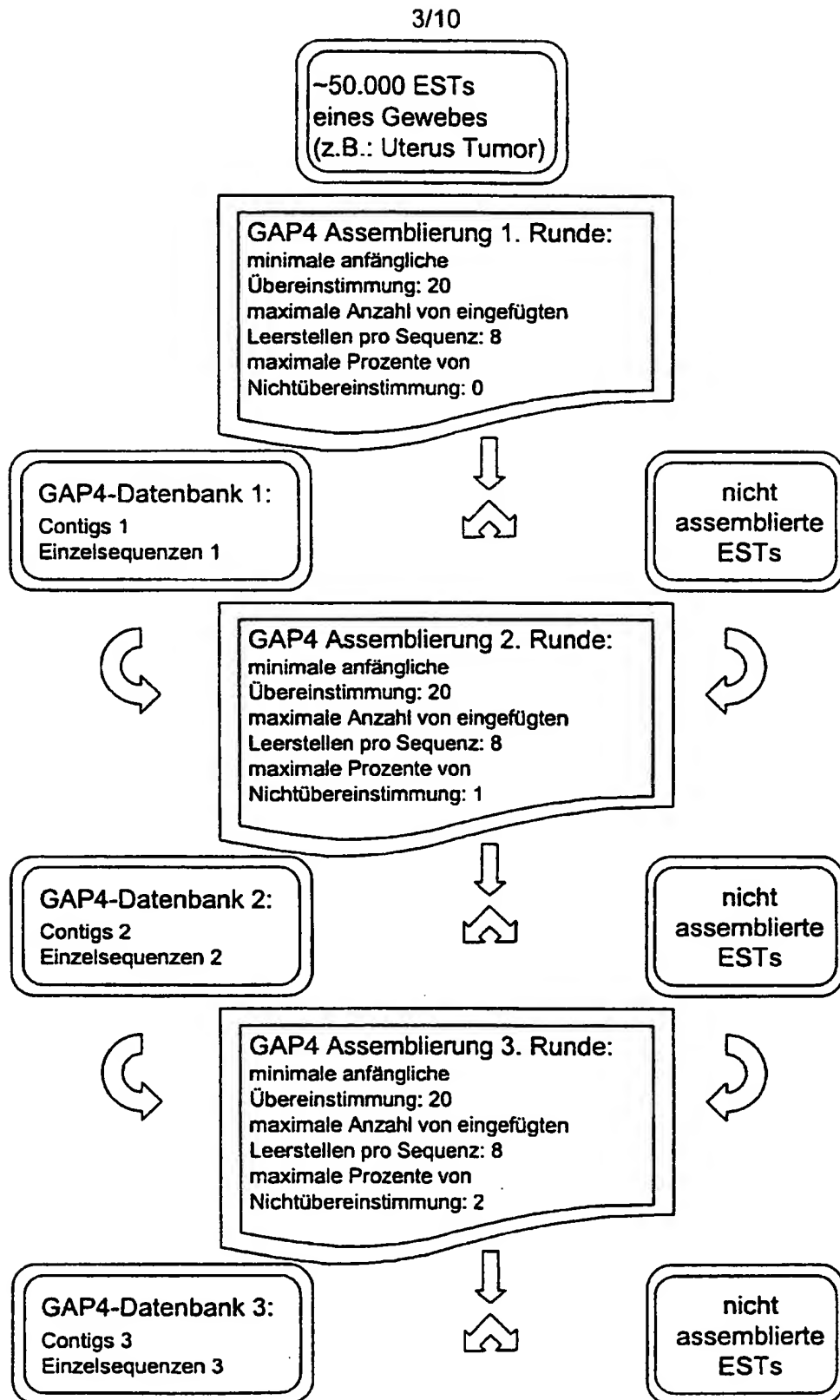


Fig. 2b1



4/10

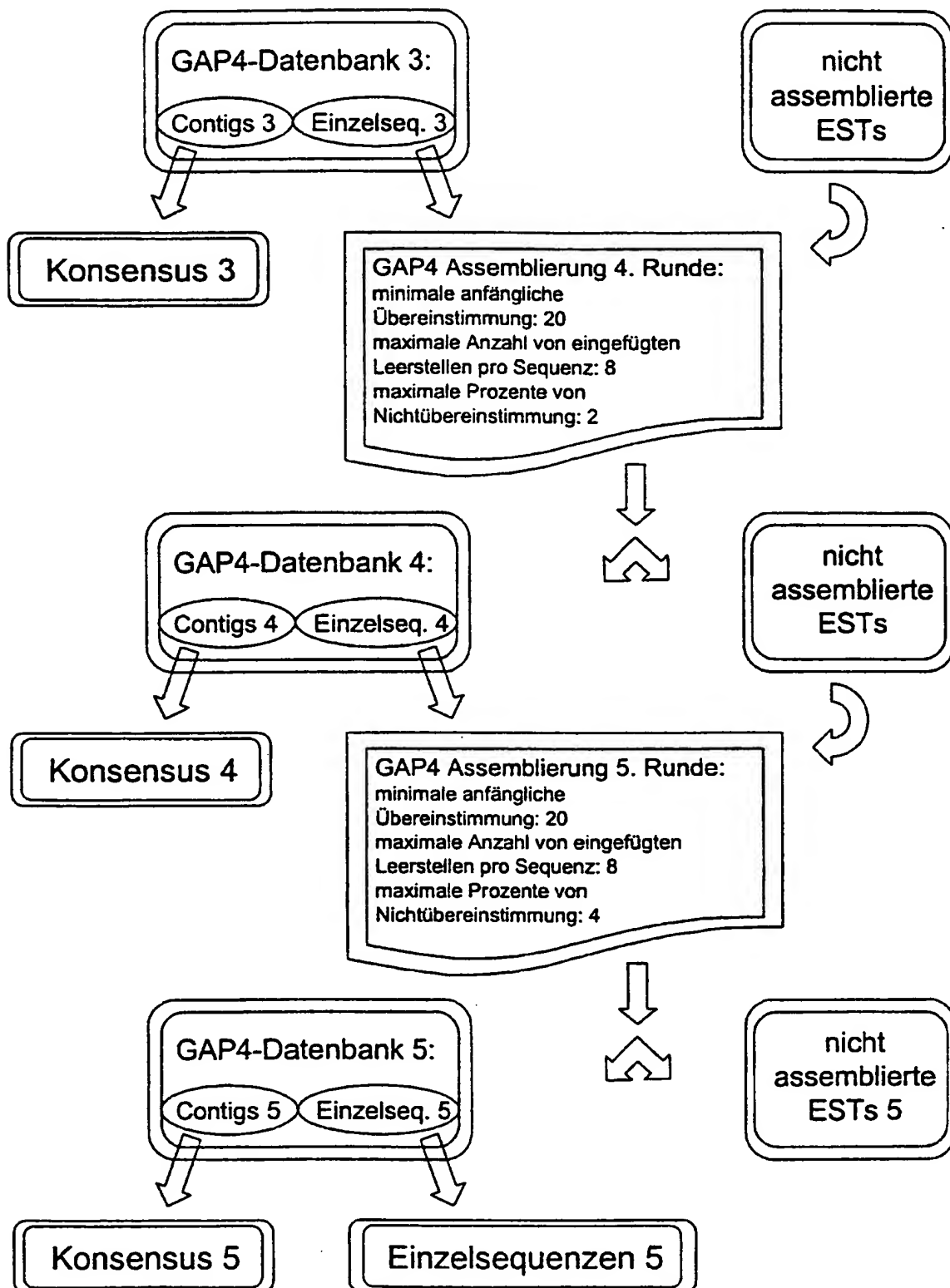


Fig. 2b2

5/10

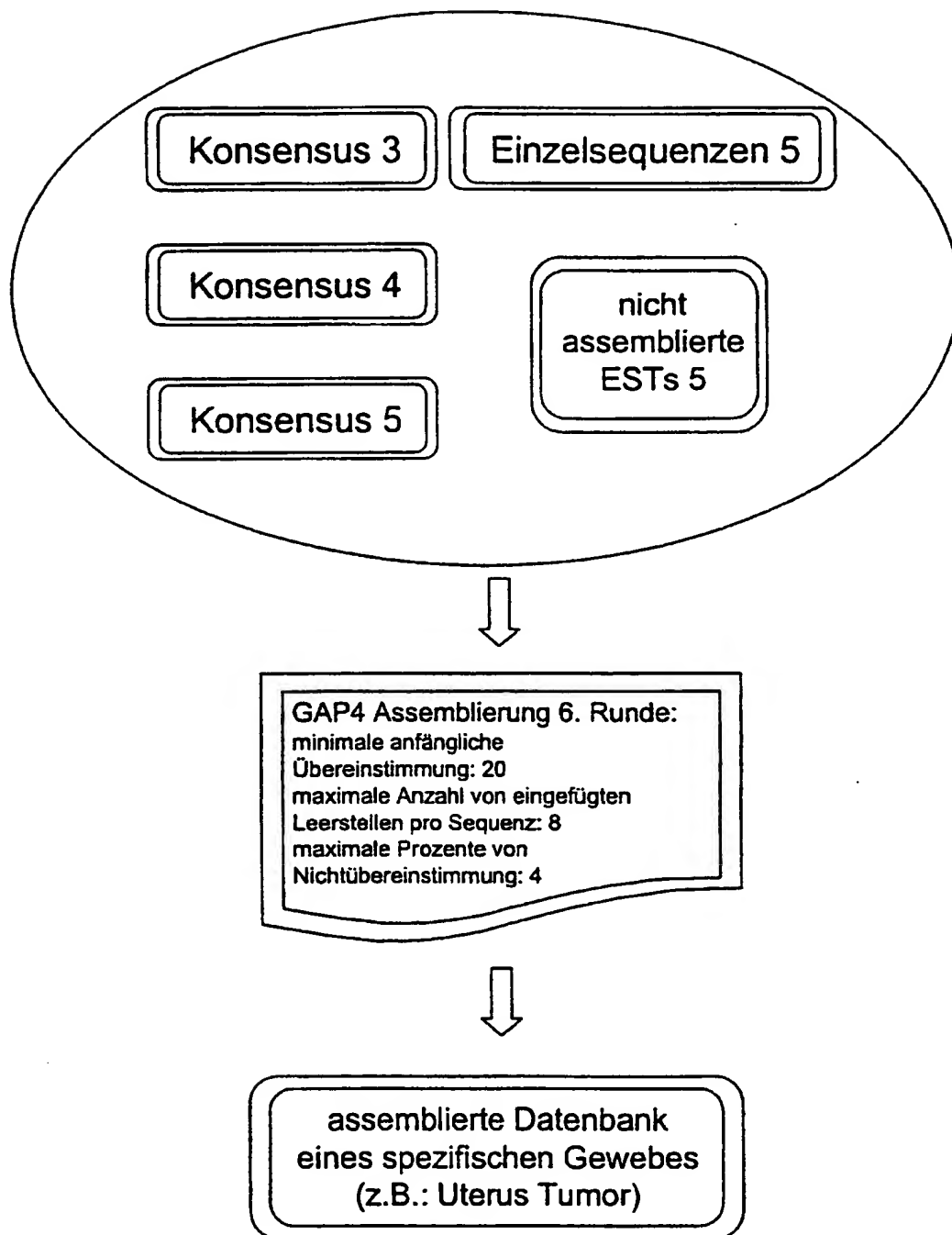


Fig. 2b3

6/10

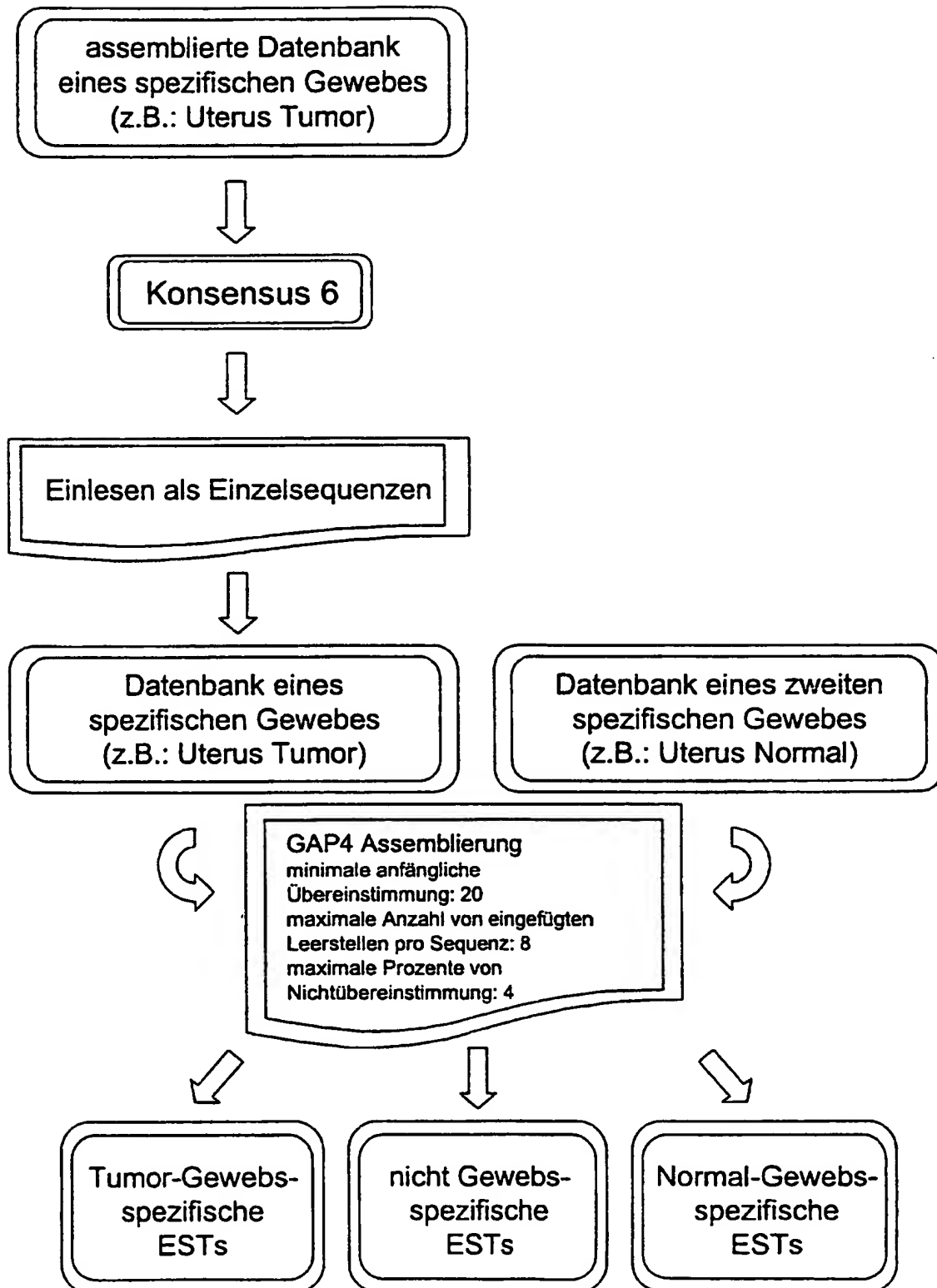


Fig. 2b4

7/10

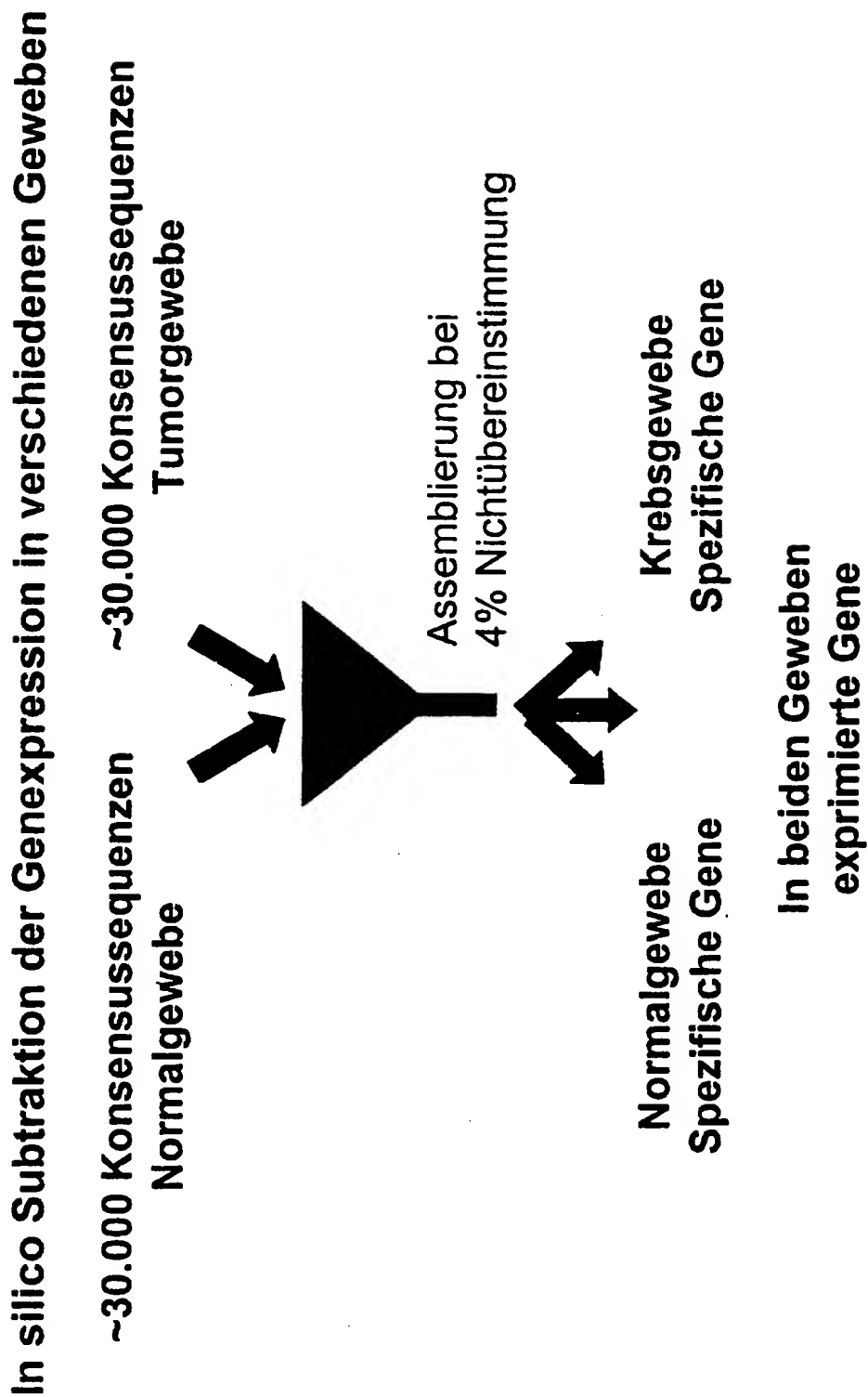


Fig. 3

8/10

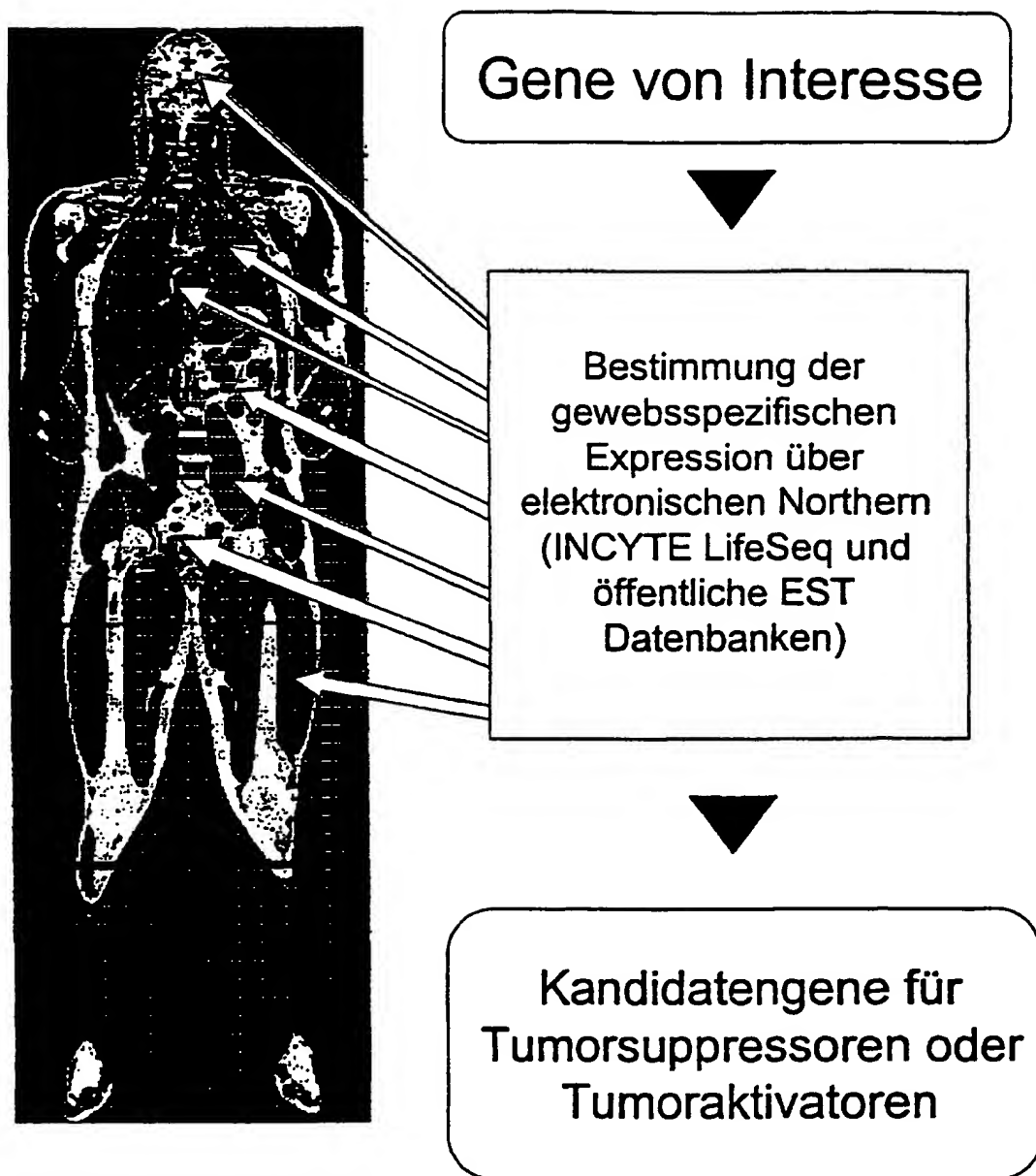


Fig. 4a

9/10

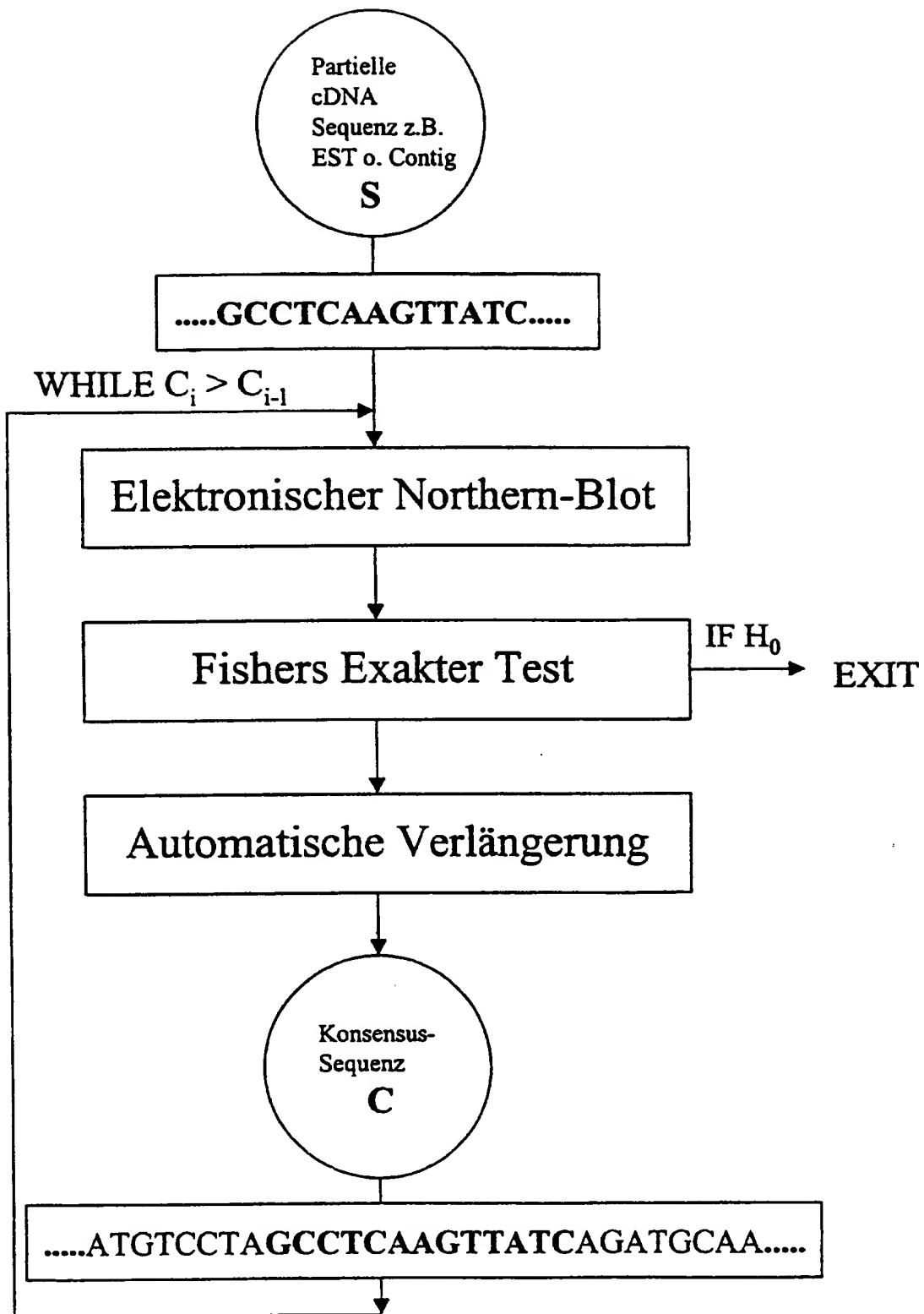


Fig. 4b

10/10

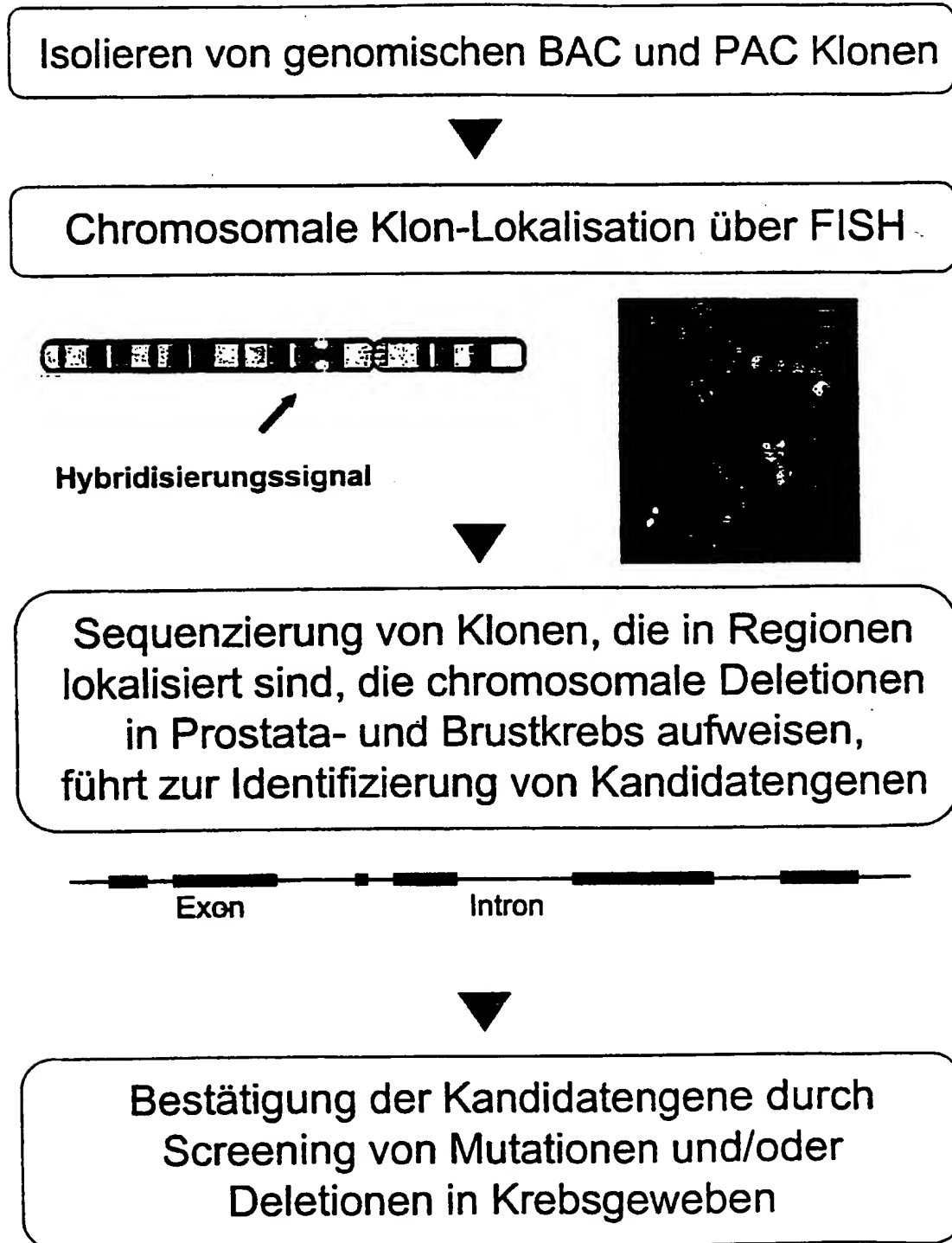


Fig. 5